Ueber eine neue Mutation (kurzflüglig) und über die Vitalitätsverhältnisse einiger Mutationsrassen der Mehlmotte Ephestia kühniella Zeller.

Mit 13 Abbildungen.

Inaugural-Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades,
genehmigt von der
Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät
der Friedrich Wilhelms-Universität zu Berlin,

von

Atif Sengün
aus Çal, Türkei.

Tag der mündlichen Prüfung: 19 Juli 1939
Tag der Promotion: 8. August 1939

E. Schütt, Buchdruckerei, Charlottenburg, Leibnizstr. 106

N 45

Referenten: Professor Dr. A Kühn

Professor Dr. F. Seidel

R. UNIV.
BIBLIOTHEEK
LEIDEN

Inhalt

Einleitung 5

I. Die Mutation kurzflüglig (kfl.) 7

A. Abhängigkeit des Merkmals von der Temperatur 8

B. Der Erbgang des Merkmals 8

C. Die Flügelmaße bei Kfl, Kfl, kfl, kfl und in den Kreuzungen 10

a) Vergleich der Flügelgrößen der Stämme 11

b) Vergleich der Geschlechter innerhalb der Stämme 22

c) Die Flügelgröße in den Kreuzungen 23

II. Vitalitätsunterschiede zwischen fünf Mehlmottenstämmen mit einfach rezessiven Mutationen und Kreuzungskombinationen zwischen ihnen 24

A. Vitalitätsunterschiede zwischen den fünf Stämmen 27

a) Erfolgreiche Paarung 27

b) Gelegegröße 29

c) Prozentsatz der bis zur Raupe sich entwikkelnden Eier 31

d) Prozentsatz der bis zum Falter sich entwikkelnden Eiraupen..... 31

e) Vergleich der Stämme 31

B. Vitalitätsunterschiede zwischen F_1 und den Ausgangsstämmen 33

C. Vitalitätsverhältnisse von einfach und doppelt rezessiven Nachzuchten aus F_2 37

Zusammenfassung 48

Schriftenverzeichnis 48

Digitized by the Internet Archive
in 2026

https://archive.org/details/IA41548011_0154

Einleitung.

Schon früh (Kühn u. Henke 1929, S. 36 ff.) wurde festgestellt, daß bei der Mehlmotte in verschiedenen Stämmen fortgesetzte Inzucht eine Abnahme der Nachkommenanzahl bewirkt. Durch Kreuzung verschiedener Inzuchtstämme wurde die Nachkommenanzahl stark gehoben; und mehrere Generationen nach der Kreuzung hatten eine erheblich höhere Nachkommenanzahl als die gleichzeitig unter den selben Außenbedingungen laufenden Inzuchtlinien. Bei erneuter Inzucht fiel in vielen Stämmen nach der Kreuzung die Nachkommenanzahl wieder ab. Welche Einzelleistungen durch die Inzuchtwirkung herabgesetzt werden und durch ihr Versagen manche Inzuchtlinien zum Aussterben bringen, wurde damals nicht untersucht. Dauernde Inzucht führt jedoch nicht stets zu einer dauernden Senkung der Nachkommenanzahl und einem Aussterben der Zuchtlinien. Eine Reihe von Stämmen wurde im Göttinger Zoologischen Institut jahrelang in Inzucht gehalten, und sie hielten sich dauernd mit einer meist ziemlich geringen Vermehrungsrate. In diesen Stämmen hatte die Inzuchtwirkung offenbar einen festen Stand erreicht, der nicht mehr überschritten wurde. Geissel (1936) hat Entwicklungsdauer, Flügellänge und Nachkommenanzahl pro Einzelzucht bei mehreren 5½ Jahre lang in verschiedenen Temperaturbedingungen nebeneinander gehaltenen Inzuchtlinien eines bestimmten Stammes bearbeitet und neun verschiedene Inzuchtstämme auf ihre Entwicklungsgeschwindigkeit, Flügellänge und Nachkommenanzahl bei konstanter Haltung in 18° geprüft. Hierbei hat er in Betracht gezogen, inwieweit die in den Inzuchtlinien zu beobachtende Senkung der Nachkommenanzahl durch eine verminderte Fruchtbarkeit der Elterntiere und durch eine erhöhte Sterblichkeit der Nachkommen verursacht wurde. Außerdem hat er verschiedene Inzuchtstämme gekreuzt und die F_1 mit den Ausgangsstämmen hinsichtlich der untersuchenden Merkmale verglichen. Dabei hat er die Erscheinung der Nachkommenanzahl je Einzelzucht zergliedert und die Merkmale der Gelegegröße und der Aufwachszahl, d. h. des Hundertsatzes der bis zum Alter sich entwickelnden Eier getrennt untersucht. Bei einigen Stämmen wurde weiterhin auch der Prozentsatz der aus den Eiern schlüpfenden Räupchen, ferner der Prozentsatz der fertig heranwachsenden Raupen und der bis zum Alter sich entwickelnden erwachsenen Raupen bestimmt. Er hat dabei

erhebliche Verschiedenheiten in der Gelegegröße und in den Hundertsätzen der die einzelnen Entwicklungsetappen durchlaufenden Tiere zwischen den einzelnen Inzuchtstämmen festgestellt und nachgewiesen, daß verschiedene die Vitalität herabsetzende Faktoren bevorzugt an verschiedenen Entwicklungsstadien angreifen, und daß in den von ihm untersuchten Stämmen vor allem die untersuchten Hauptmerkmale Entwicklungsdauer, Flügelgröße, Gelegegröße und Aufwachszahl genetisch unabhängig voneinander waren. Die Glieder keines aus diesen vier Merkmalen gebildeten Paares standen bei allen geprüften Stämmen im gleichen Verhältnis zueinander, sondern die verschiedenen Merkmale waren bei den einzelnen Stämmen regellos kombiniert. Ein solches Verhalten ist zu erwarten, wenn die geprüften Merkmale durch unabhängige Faktoren bedingt werden und es vom Zufall abhängt, welche Faktorenkombinationen durch die Inzucht reingezüchtet werden. Die Heterosiserscheinungen in bezug auf die Aufwachszahl ließen sich zum Teil durch die Annahme einer beschränkten Anzahl (drei) von Vitalitätsfaktoren befriedigend interpretieren. Ein kreuzungsanalytischer Nachweis dieser aus dem Vergleich der Vitalitätswerte der F_1 und der Ausgangsstämme erschlossenen Vitalitätsfaktoren war jedoch nicht möglich, da dem Einzelindividuum nicht anzusehen ist, ob es einen solchen Faktor enthält oder nicht.

Andererseits ist bei der Mehlmotte eine Reihe von kreuzungsanalytisch festgestellten Faktoren bekannt, welche die Vitalität herabsetzen. Den höchsten Grad dieser Wirkung erreichen ein autosomaler Letalfaktor Sy, der durch die von ihm bewirkte dominante Verschmälerung des Symmetrie-Systems kenntlich ist (Kühn 1932, Kühn u. Henke 1936, S. 244 ff.), und ein phänotypisch nicht bemerkbarer geschlechtsgekoppelter Letalfaktor l (Schwartz 1937), der l-♀♀ als Embryonen zum Absterben bringt. Bei einer Reihe anderer das Zeichnungsmuster, die Schuppenpigmentierung oder die Augenfarbe betreffenden Mutationen wurde eine Senkung der Vitalität der homozygoten Mutanten festgestellt. Es waren dies die Mutationen b (schwarzschuppig, Kühn u. Henke 1929, S. 52; 1932, S. 206 ff.), a (rotäugig, Kühn u. Henke 1930, S. 204; 1932, S. 200 ff.), he (Hemmung der Ausfärbung, Kühn 1934, S. 197 ff.; Kühn u. Henke 1935, S. 257) und dia (diminutio aetatis colorationis et fertilitatis, Strohl u. Köhler 1935, S. 37 ff.). Im letzten Falle spalten aus der Kreuzung mit Dia die hellbraunen dia dia-Tiere in der zu erwartenden Anzahl heraus, ihre Entwicklungsfähigkeit ist also nicht herabgesetzt; aber ihre Lebensdauer und ihre Fruchtbarkeit sind stark vermindert.

In den anderen genannten Fällen ergab sich die Vitalitätsverminderung aus dem Zurückbleiben der Anzahl der aus Kreuzungszuchten herausspaltenden Mutanten unter der Erwartung, also eine Verminderung der Entwicklungsfähigkeit der erzeugten Genotypen. Worin im einzelnen die vitalitätssenkende Wirkung der betreffenden Gene bestand, blieb offen. Für b konnte aus zahlreichen Zuchten auch eine Verminderung der Vitalität der Heterozygoten erschlossen werden (Kühn u. Henke 1932, S. 206 ff.).

Aufgabe dieser Arbeit war, zu prüfen, wieweit sich die Vitalitätsunterschiede zwischen Mehlmottenstämmen, die durch bestimmte sichtbare rezessive Faktoren und ihre Kombinationen gekennzeichnet sind, auf diese Faktoren zurückführen lassen oder von anderen Bestandteilen des Genotypus abhängen.

Während der Untersuchung trat in einem Stamm eine rezessive Mutation auf, welche die Flügelgröße in einem so hohen Grade verändert, wie dies bisher in Ephestia-Zuchten nie beobachtet worden war. Sie wird hier zuerst beschrieben.

Die Zuchttechnik entsprach der von Kühn u. Henke 1929, S. 27 ff. angegebenen. Die Zuchtschalen hatten die Maße 10—11,5 auf 4 — 5,5 cm. Sie standen in Thrommelthermostaten. Die Feuchtigkeit der Zuchträume wurde nicht kontrolliert. Als Futter wurde Weizenschrot verwendet.

Meinem verehrten Lehrer, Professor Dr. Kühn, danke ich für die Anregung zu dieser Arbeit und für die stetige Förderung derselben, ebenso auch Herrn Dr. Schwartz für seine stete Hilfsbereitschaft.

I. Die Mutation „kurzflügelig".

Am 15. Juni 1937 wurden in einer Zucht eines transparentäugigen Stammes, welcher bei 25° gehalten wurde, sieben kurzflüglige Individuen, drei Weibchen und vier Männchen, gefunden.

Das Verhältnis der Flügelgröße zur Körperlänge wich von den normalen Typen so stark ab, daß bei den lebenden Tieren das letzte Abdominalsegment hinter den über den Körper zusammengelegten Flügeln vorragte. Diese abweichenden Individuen wurden zusammengesetzt. Nur aus einer Kopula wurde ein Gelege gewonnen, das nur wenige Eier enthielt (155); daraus schlüpften 82 Falter. Sie waren alle kurzflüglig. Aus diesen Tieren wurde ein Stamm gewonnen, welcher dieses Merkmal besitzt. Die Körpergröße war bei diesen Tieren mit verkürzten Flügeln normal. Die Hinterflügel sind stets auch entsprechend den Vorderflügeln verkleinert.

A. Abhängigkeit des Merkmals von der Temperatur.

Als zur Untersuchung des neu aufgetretenen Merkmals Kreuzungszuchten bei 18° angesetzt worden waren, blieb es aus. Erst nachdem Zuchten in 25° gebracht worden waren, erschien es wieder. Um festzustellen, in welchem Entwicklungsstadium die Temperatur das Gen zur Manifestierung bringt, wurden folgende Versuchsgruppen angesetzt.

1. Im frühen Raupenstadium wurden Individuen von 25° nach 18° gebracht.

2. Im letzten Raupenstadium ,etwa 2 Tage vor der Gespinstbildung, wurden 200 Individuen, die aus zwei bei 25° gehaltenen Zuchten stammten, in 18° gebracht, während ihre Geschwister als Kontrolle in 25° verblieben.

3. In verschiedenen Altersstadien wurden Puppen von 25° nach 18° übertragen: a) 2 Tage alte, b) 3 Tage alte, c) 5 Tage alte Puppen.

Alle Individuen der ersten und zweiten Versuchsgruppe, die nach 18° gebracht wurden, waren normalflügelig und deren in 25° zur Kontrolle gebliebenen Geschwister waren kurzflüglig. Dagegen schlüpften in der dritten Serie nur kurzflüglige.

Also wird über die Ausbildung des Merkmals-Unterschiedes Kurzflügligkeit oder Normalflügligkeit bei der neuen Mutationsrasse durch die Temperatur am Ende des letzten Raupenstadiums oder am Anfang des Puppenstadiums entschieden.

Henke (1937) hat festgestellt, daß durch hohe Temperatur oder durch extreme Hitzereize, welche im Puppenalter von 160—180 Std. einwirkten, eine Verkleinerung der Flügel bewirkt wird. Auf dieser Altersstufe ist bei der neuen Mutation die Flügelverkleinerung bereits festgelegt. Hitzereizung im Puppenalter 0—60 Std. hatte in Henkes Versuchen eine Verlängerung und ein Schlankerwerden der Flügelform zur Folge. Die Mutation wirkt also in ganz anderem Sinne als diese Modifikationsvorgänge. Weitere Untersuchungen über die Phänogenese und die Verwirklichungsbedingungen der Kurzflügligkeit habe ich nicht unternommen; sie werden im Kaiser-Wilhelm-Institut für Biologie von Herrn K. Hardt durchgeführt.

B. Der Erbgang des Merkmals.

Um den Erbgang der neuen Mutation festzustellen, wurden Kreuzungen mit zwei Stämmen durchgeführt, die verschiedene mutierte Gene enthielten; einmal wurden kurzflüglige Weibchen aus einem transparentäugigen Stamm mit

normalflügligen Männchen eines Stammes mit dem Merkmal dunkles Feld im Zentralfeld gekreuzt: Mit den ersteren wurden die rezessiven Gene a und t (vgl. Kühn und Henke 1932, S. 192 ff.), mit den letzteren das geschlechtsgekoppelte rezessive Gen df (dunkles Feld im Zentralfeld, vgl. Kühn und Henke 1935, dies. 1936, S. 271) in die Kreuzung eingeführt. Ferner wurden wildfarbig-kurzflüglige Tiere mit solchen aus einem schwarzen Stamm (bb) gekreuzt.

Die F_1-Generation erscheint normalflüglig; in der F_2 trat eine klare Spaltung ein (Tab. 1 u. 2). In beiden Kreuzungen sind die Kurzflügligen deutlich von den Normalflügligen zu unterscheiden. Das Spätverhältnis in F_2 ist in der ersten Kreuzung mit 596 zu 1630, in der zweiten Kreuzung mit 1695 zu 4900 in Einklang mit dem Verhältnis 1 : 3. Die Rückkreuzung von F_1 mit dem wildfarbig-kurzflügligen Ausgangsstamm (Tab. 3) entspricht mit den Spaltzahlen 1256 kurzflüglige zu 1296 normalflügligen dem Verhältnis 1 : 1. Das Merkmal kurzflüglig wird also monohybrid vererbt, ich bezeichne das mutierte Gen mit **kfl.**

Die Abweichungen von den erwarteten Verhältniszahlen (Kontrollzahlen) der einzelnen Merkmalskombinationen sind in der tetrahybriden F_2 (Tab. 1), in der dihybriden F_2 (Tab. 2) und in der dihybriden Rückkreuzung (Tab. 4) fast überall kleiner oder kaum größer als der einfache mittlere Fehler der Erwartung. Nur ein Überwiegen der Schwarzäugigen in der Gruppe der kurzflügligen Tiere mit dunklem Feld im Zentralfeld in F_2 (Tab. 1) überschreitet den doppelten, ein Fehlen von rotäugigen unter den normalflügligen-wildfarbigen in F_2 (Tab. 1) und das Fehlen von Schwarzschuppigen unter den normalflügligen in F_2 (Tab. 2) und in R (Tab. 4) überschreitet den dreifachen mittleren Fehler. Diese Unterschiede entsprechen früheren Befunden über die relative Vitalität dieser Genotypen.

Das Genpaar Kfl/kfl ist also mit den Genpaaren A/a, T/t, B/b, sowie mit Df/df frei kombinierbar.

Tabelle 1.

Kreuzung: Kurzflügelig × Normalflügelig — schwarzäugig mit dunklem Feld im Zentralfeld: F_2. Ergebnisse aus 10 Zuchten. Gesamtzahl der Individuen = 2226.

	Kurzflügelig						Normalflügelig					
gelmust.	Wildmuster			Dunkles Feld			Wildmuster			Dunkles Feld		
Augen	Schwarz	Rot	Trans-parent	Schwarz	Rot	Trans-parent	Schwarz	Rot	Trans-parent	Schwarz	Rot	Trans-parent
solut	215	46	13	243	58	21	609	117	40	654	145	65
trollzahl	12,36	2,64	0,74	13,77	3,33	1,21	34,95	6,72	2,30	37,59	8,34	3,73
artung	12±0,79	3±0,41	1±0,23	12±0,79	3±0,41	1±0,23	36±1,21	9±0,69	3±0,41	36±1,21	9±0,69	3±0,41
± m E												

Tabelle 2.

Kreuzung: Kurzflügelig — Wildfarbig × Normalflügelig — Schwarzschuppig; F_2 Ergebnisse aus 39 Zuchten bei 25°. Gesamtanzahl der Individuen ist 6595.

	Normalflügelig		Kurzflügelig	
	Wildfarbig	Schwarzschuppig	Wildfarbig	Schwarzschuppig
Absolut	3774	1126	1270	425
Kontrollzahl	9,15	2,74	3,09	1,03
Erwartung ± mE	9±0,09	3±0,07	3±0,07	1±0,04

Tabelle 3.

Rückkreuzung: F_1 × Kurzflügelig—wildfarbig. Ergebnisse aus 14 Zuchten bei 25°. Gesamtzahl der Individuen = 2552.

	Normalflügelig	Kurzflügelig
Absolut	1296	1256
Kontrollzahl	1,015	0,985
Erwartung ± mE	1±0,01	

Tabelle 4.

Rückkreuzung: F_1 × Kurzflügelig—Schwarzschuppig (aus einer F_2-Zucht). Ergebnisse aus 11 Zuchten bei 25°. Gesamtzahl der Individuen = 2153.

	Normalflügelig		Kurzflügelig	
	Wildfarbig	Schwarzschuppig	Wildfarbig	Schwarzschuppig
Absolut	562	484	563	544
Kontrollzahl	1,04	0,90	1,04	1,01
Erwartung ± mE	1±0,03			

C. Die Flügelmaße bei Kfl Kfl, kfl kfl und in den Kreuzungen.

Die quantitative Untersuchung der Flügelgröße gründet sich auf Messungen der Gesamtlänge und Breite der Vorderflügel und bestimmter Aderabschnitte, die mit einer sechsfach vergrößernden Lupe mit einem bis 0,25 mm untergeteilten Maßstab ausgeführt wurden. Abb. 1 gibt die gemessenen Strecken des Vorderflügels wieder. Als Maß für den Formcharakter des Flügels dient der **Breitenlängenindex,** welchen Henke (1937, S. 451 ff.) bei seiner Untersuchung zur Entwicklungsphysiologie und Genetik der Flügelform bei der Mehlmotte verwendet hat, d. h. die Breite, ausgedrückt in % der Flügellänge.

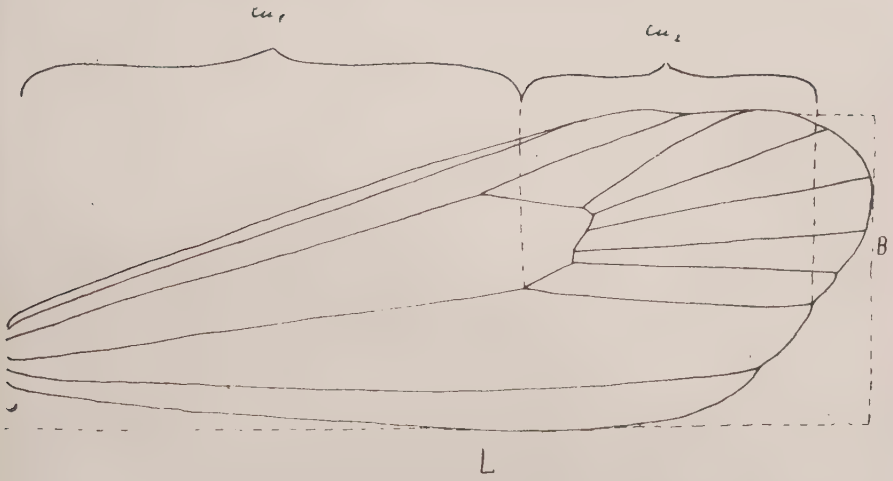


Abb. 1.

Flügelgeäder des Vorderflügels der Mehlmotte mit den Meßstrecken: L Flügellänge, B Flügelbreite, cu, cu_2 Stamm des Cubitus und des Astes, dessen Länge gemessen wurde.

Innerhalb der normalflügligen Zuchten traten vereinzelt kleine Individuen auf, welche entsprechend ihrer Körpergröße kleine Flügel hatten. Aber die Flügel waren im Verhältnis zum Körper nicht verkürzt, sondern sie bedeckten das Abdomen noch vollkommen. Manchmal kamen auch in kurzflügligen Zuchten sehr große Individuen vor, deren Flügel so lang wie die von Tieren aus normalen Zuchten waren; aber ihr Abdomen ragte hinter den Flügeln vor. Bei der Messung der Flügel in spaltenden Zuchten wurden die ersteren zu den Normalflügligen, die letzteren zu den Kurzflügligen gerechnet.

a) **Vergleich der Flügelgrößen der beiden Stämme.**

Tabelle 5.

Längenmaße von Vorderflügeln in einem normalflügeligen und einem kurzflügeligen Stamm, in F_1 und bei den Gruppen herausgespaltener Lang- und Kurzflügeliger in F_2 und R.

		Flügellänge in mm											n	M ± 3 m
		6,5	7,0	7,5	8,0	8,5	9,0	9,5	10,0	10,5	11,0	11,5		
Norm.	♀						4	33	48	60	21	5	171	10,47±0,
flüge-	♂							6	52	67	38	8	171	10,73±0,
lig	♀ + ♂						4	39	100	127	59	13	342	10,60±0,
Kurz-	♀	7	46	123	113	20							309	7,91±0,
flüge-	♂	2	26	91	116	70	4						309	8,14±0,
lig	♀ + ♂	9	72	214	229	90	4						618	8,02±0,
F_1	♀ + ♂							93	190	145	14		442	10,34±0,
F_2	Normalflüg. ♀ + ♂						3	85	76	56	24	6	250	10,31±0,
	Kurzflügig ♀ + ♂		4	48	138	76							266	8,28±0,
F_1 × Kurz-Kurzfl.	Normalflüg. ♀ + ♂							43	85	116	34	4	282	10,53±0,
	Kurzflügig ♀ + ♂	18	31	93	104	38	2						286	7,96±0,

Tabelle 6.

Breitenmaße von Vorderflügeln in einem normalflügeligen und einem kurzflügeligen Stamm, in F_1 und bei den Gruppen herausgespaltener Lang- und Kurzflügeliger in F_1 + R.

Stämme		Flügelbreite in mm 2	2,5	3	3,5	n	M ± 3 m
Normal-flügelig	♀		106	65		171	2,94±0,05
	♂		99	71	1	171	2,97±0,05
	♀ + ♂		205	136	1	342	2,96±0,04
Kurzflügelig	♀	13	249	47		309	2,80±0,03
	♂	5	237	67		309	2,85±0,03
	♀ + ♂	18	486	114		618	2,82±0,02
F_1	♀ + ♂	2	384	56		442	2,81±0,03
F_2	Normalflügelig	6	207	37		250	2,81±0,03
	Kurzflügelig	13	244	9		266	2,74±0,02
F_1 X	Normalflügelig		224	40		282	2,86±0,03
	Kurzflügelig	2	244	40		286	2,81±0,03

Die Tabellen 5—7 enthalten die Variantenverteilung für die absoluten und relativen Maße der Vorderflügel von Individuen der beiden Stämme.

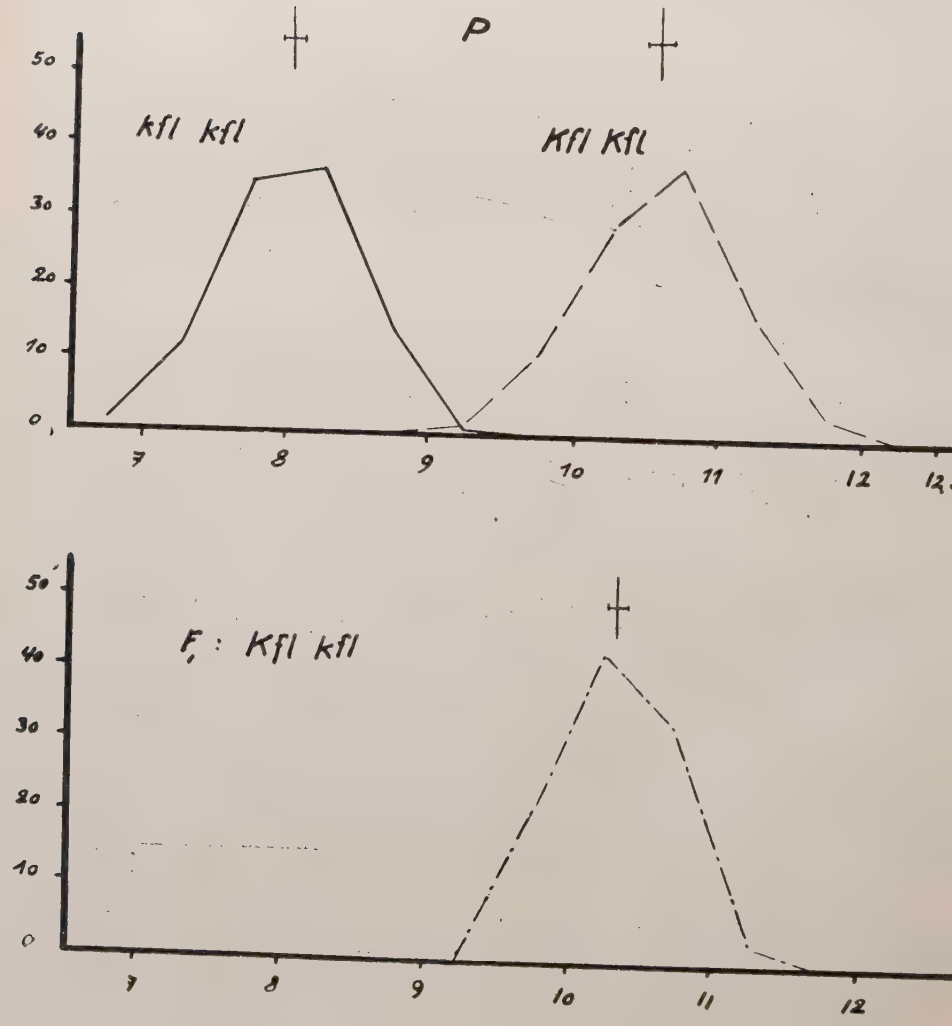
Tabelle 7.

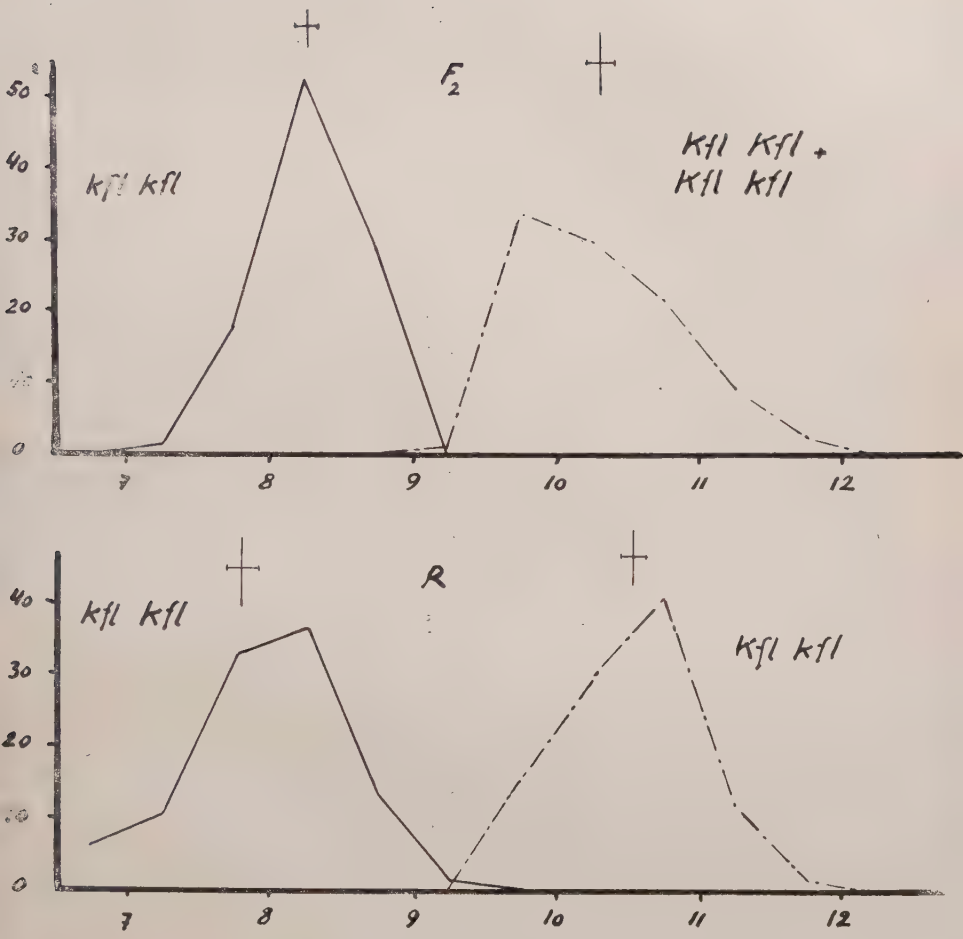
Breitenlängenindex von Vorderflügeln in einem normalflügeligen und einem kurzflügeligen Stamm, in F_1 und bei den Gruppen herausgespaltener Lang- und Kurflügeliger in F_2 und R.

Stämme		Breitenlängenindex 24,5	25,5	26,5	27,5	28,5	29,5	30,5	31,5	32,5	33,5	34,5	35,5	36,5	37,5	38,5	39,5	40,5	41,5	n	M ± 3 m
Normalflügelig	♀	2	5	25	26	40	45	18	8	2										171	29,08±0,36
	♂	4	4	34	24	33	51	11	7	3										171	28,92±0,36
	♀ + ♂	6	9	59	50	73	96	29	15	5										342	29,00±0,18
Kurzflügelig	♀						5	13	19	38	47	46	24	46	34	11	18	6	2	309	35,43±0,42
	♂						2	17	15	33	57	39	46	32	36	18	5	9		309	35,40±0,42
	♀ + ♂						7	30	34	71	104	85	70	78	70	29	23	15	2	618	35,42±0,30
F_1	♀ + ♂	8	32	93	74	131	84	12	6	2										442	28,43±0,20
F_2	Normalflüg.		12	69	42	52	44	17	11	3										250	28,58±0,21
	Kurzflügelig						3	27	51	57	47	34	16	9	18	4				266	33,79±0,36
F_1 X kurzfl.	Normalflüg.		4	73	62	65	54	5	18	1										282	28,67±0,24
	Kurzflügelig							4	14	14	35	51	40	78	16	20	8	5	1	286	35,96±0,36

Abb. 2.

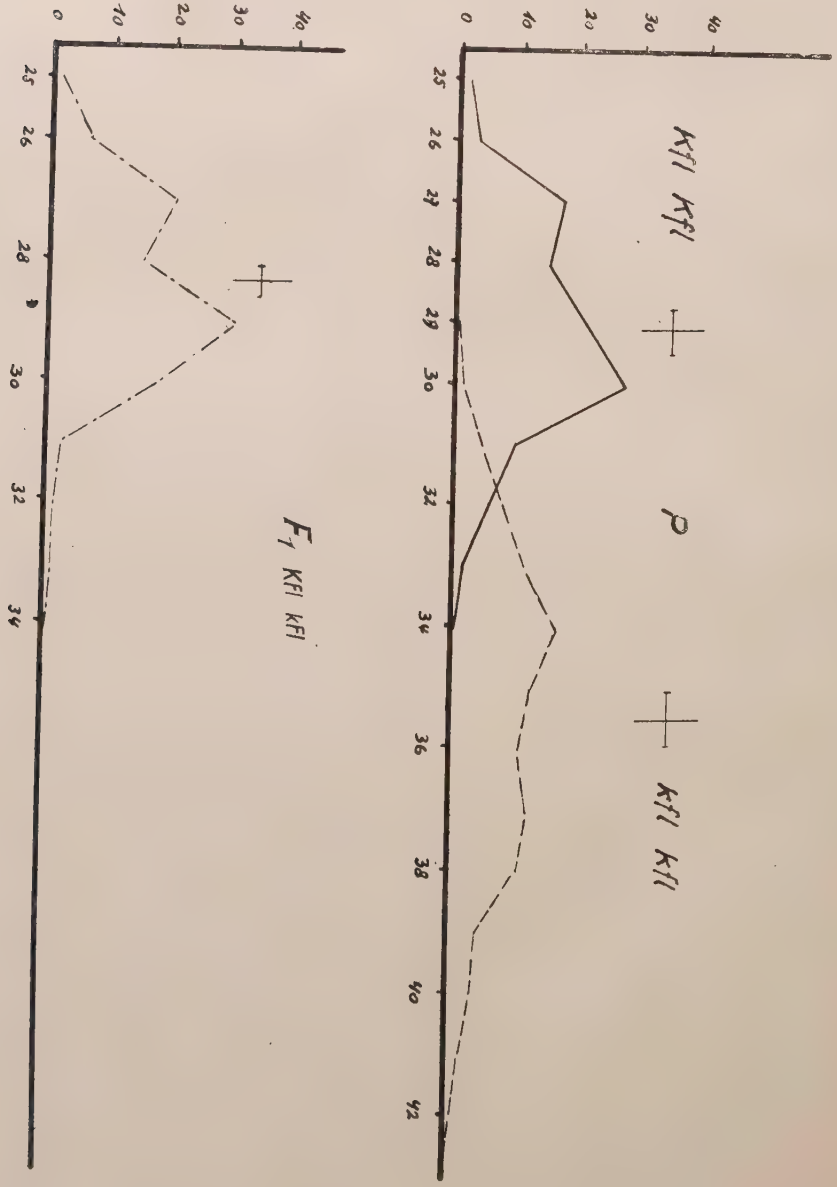
Längenmaße von Vorderflügeln in einem normalflügeligen Stamm (Kfl Kfl) und einem kurzflügeligen Stamm (kfl kfl) in F_1 und in den Gruppen herausgespaltenen normalflügeligen und kurzflügeligen in F_2 und R (vergl. Tab. 5, 6 und 7). Ordinaten: % Individuen, Abszisse: Länge in mm.

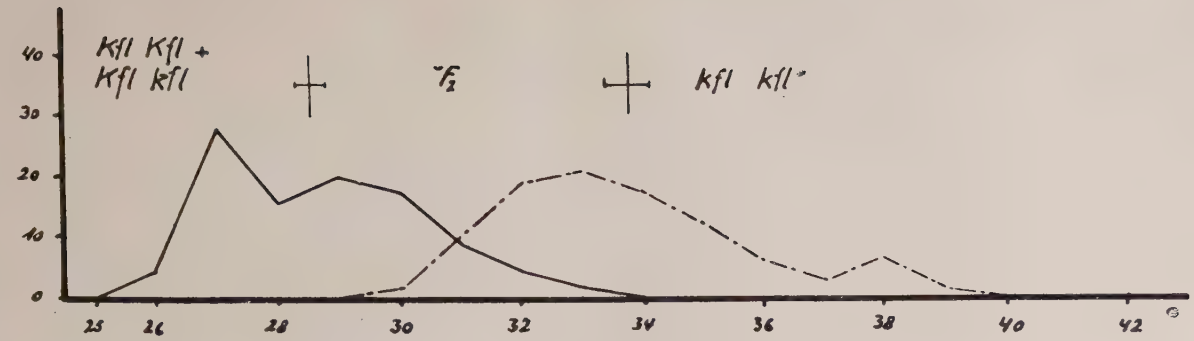


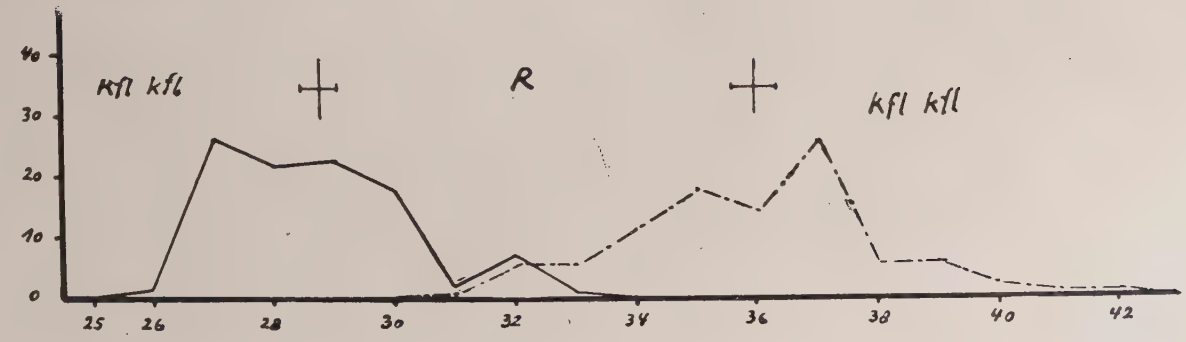


Der Vorderflügel ist **in dem kurzflügligen** Stamm kürzer und schmäler als in dem normalflügligen Stamm. Die Längenkurven überschneiden sich kaum (Abb. 2 oben P). Aber auch der geringe Unterschied in der Breite ist statistisch gesichert (Tab. 6). Der Unterschied beträgt für die Länge 24,34%, für die Breite 4,74% der für den normalflügligen Stamm gültigen Werte. **Da die relative Verkleinerung der Breite viel geringer ist als die der Länge, hat der kurzflüglige Stamm einen viel höheren Breitenlängenindex als der normalflüglige.** Die Kurven der Breitenlängenindices (Abb. 3) überschneiden sich auch nur wenig. Der Unterschied der Mittelwerte der Breitenlängenindices beträgt 18,14% des für die Normalflügeligen gültigen Wertes.

Abb. 3.
Breitenlängenindices von Vorderflügeln in einem normalflügeligen Stamm (Kfl Kfl) und einem kurzflügeligen in F_2 und R (vergl. Tab. 5, 6 u. 7).
Ordinaten: % Individuen, Abszisse Breitenlängenindex.




Kfl Kfl +
Kfl kfl
F2
kfl kfl
40
30
20
10
0
25
26
28
30
32
34
36
38
40
42


Kfl kfl
R
kfl kfl
40
30
20
10
0
25
26
28
30
32
34
36
38
40
42

Die Unterschiede in den Längen- und Breitenmaßen zwischen dem normalflügligen und dem neuen kurzflügligen Stamm sind viel beträchtlicher als die zwischen den Stämmen A und B, die Henke genetisch analysiert hat, und nicht gleichsinnig wie in diesen Stämmen. Der Vorderflügel ist im Stamm B kürzer und vor allem breiter als im Stamm A. Der Unterschied beträgt für die Länge 3,79%, für die Breite 7,02% der für den Stamm A gültigen Werte. Der Stamm B mit den kürzeren Flügeln hat daher einen höheren Breitenlängenindex als der Stamm A, ebenso wie **kfl kfl** gegenüber **Kfl Kfl.** Hier beruht dies aber auf dem geringeren Maß der Breitenverkleinerung gegenüber der Längenverkleinerung, bei dem Unterschied zwischen Stamm A und B, welcher nach Henkes Untersuchung durch die Gene P/p bewirkt wird, auf einem Breiterwerden der Flügel bei Verkürzung unter dem Einfluß von p beruht. Die Faktoren kfl und p wirken also in verschiedenem Sinne auf die Änderung der Flügelmaße ein. Das steht im Einklang damit, die Verwirklichung der zugeordneten Merkmale anscheinend zu verschiedenen Zeiten durch Außenbedingungen beeinflußt werden kann.

Um festzustellen, ob die Verkürzung der Flügel über die ganze Flügellänge hin gleichmäßig oder in einem Abschnitt bevorzugt erfolgt, wurden die Cubitus-Ader (Abb. 1) von der Flügelbasis bis zur Gabelung in cu_1 und cu_2 und der Ast cu_2 gemessen (Tab. 8). Die Variationskurven sind in Abb. 4 dargestellt. Beide Strecken sind bei dem kurzflügeligen Stamm kürzer als bei dem normalflügeligen. Die Differenzen zwischen den beiden Stämmen betragen für cu 24,75% und für cu_2 44,49% der für normalflügelige gültigen Werte. **Die Verkürzung durch die Mutation ist also im distalen Teil des Flügels viel stärker als im proximalen Teil.**

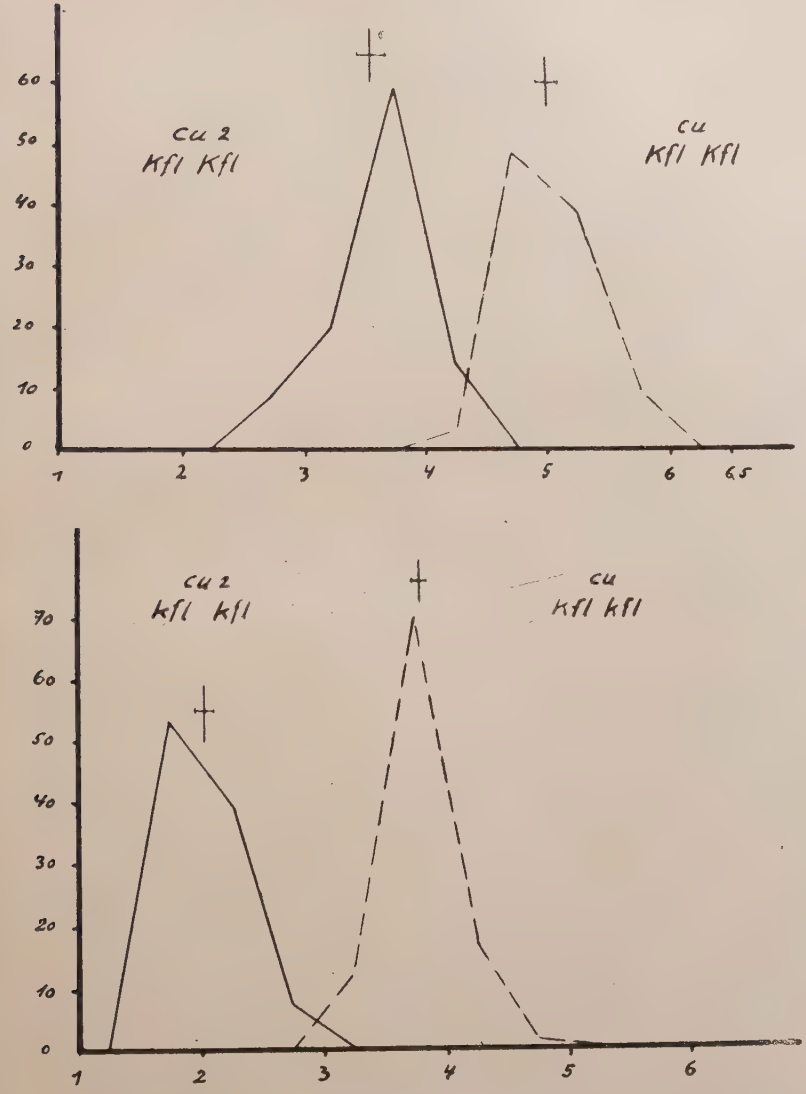
Tabelle 8.

Maße der Länge von Abschnitten des Vorderflächengeäders (vgl. Abb. 2) in einem normalflügeligen und einem kurzflügeligen Stamm.

	Längen in mm									n	M ± 3 m
	1,5	2	2,5	3	3,5	4	4,5	5	5,5		
normal- flügelig	Cu						3	42	34	8	87	5,0?±0,09
	Cu_2			7	17	51	12				87	3,65±0,12
kurz- flügelig	Cu				13	76	18	1			108	3,78±0,06
	Cu_2	57	43	8							108	2,03±0,09

Abb. 4.

Maße der Cubitusader cu und ihres Astes cu_2 in einem normalflügeligen Stamm (Kfl Kfl) und einem kurzflügeligen Stamm (kfl kfl). Ordinaten: % Flügel, Abszisse: Länge in mm.

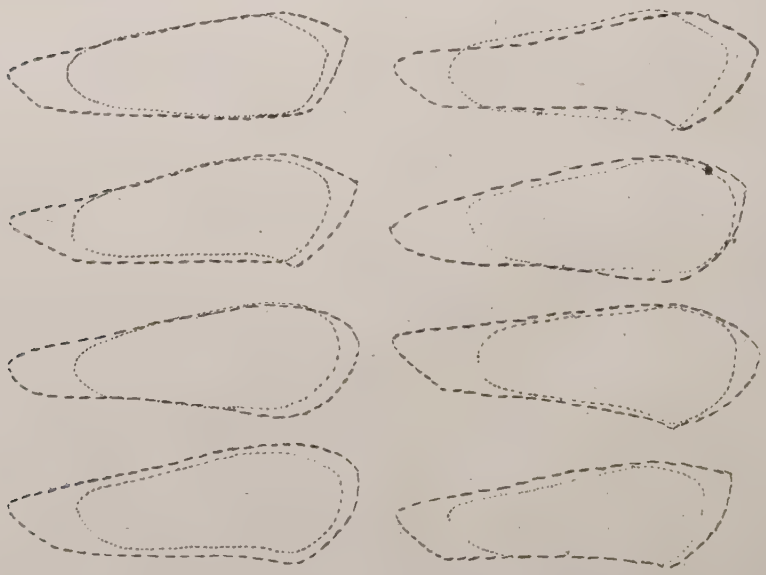


Um die Frage zu prüfen, ob die Kurzflügeligkeit den Umriß der Flügel beeinflußt, wurde eine Anzahl Flügel von beiden Stämmen bei sechsfacher Vergrößerung mit dem

Zeichenapparat gezeichnet und miteinander verglichen. Abb. 5 gibt eine Anzahl in beiden Stämmen sehr häufig vorkommender Flügelumrisse wieder. In beiden Stämmen kommen verschiedene Formen der Flügelspitze und der Stellung des Außen-, Vorder- und Hinterrandes zueinander vor. Aber die Prüfung des gesamten Materials zeigt, daß im allgemeinen der Vorderrand bei Normalflügeligen am distalen Teil der Flügel schärfer und in einem relativ längeren Stück abgebogen ist und infolgedessen mit dem Außenrand einen spitzeren Winkel bildet als bei dem kurzflügeligen Stamm. Bei diesem läuft der Vorderrand in der Regel in einen breiten Kreisbogen aus und geht ohne scharfen Knick in den Außenrand über, so daß das distale Ende der Flügel abgerundet erscheint. Auch die Stellung des Außenrandes zum Hinterrand ist bei beiden Stämmen verschieden. Am Flügel des normalflügeligen Stammes bildet der Außenrand meist mit dem Hinterrand einen stumpfen Winkel, während bei dem kurzflügeligen Stamm die Ränder mehr abgerundet ineinander übergehen und der Außenrand verhältnismäßig steiler steht. So erscheinen die kurzen Flügel mehr quer abgenutzt und in der ganzen Form plumper.

Abb. 5.

Rechte Vorderflügel von dem normalflügeligen Stamm (gestrichelt) und von dem kurzflügeligen Stamm (punktiert) paarweise zum Vergleich zusammengezeichnet. 6-fach vergrößert.



Es ist aber nicht sicher, daß die Abrundung der Flügelspitze sowie das Verschwinden des Winkels zwischen Außen- und Hinterrand in vollem Maß durch dasselbe Gen wie das Merkmal Kurzflügeligkeit bedingt ist; denn dieselben Erscheinungen treten auch bei anderen Stämmen mit normaler Flügellänge auf. Es gibt, wie Henke (1937) gezeigt hat, offenbar verschiedene Gene, welche Veränderungen der Flügelumrisse hervorrufen. Eine messende Analyse der Stammesunterschiede in der Form des Flügelumrisses und ihrer Vererbung, wie Henke (1937) sie durchgeführt hat, wurde nicht versucht.

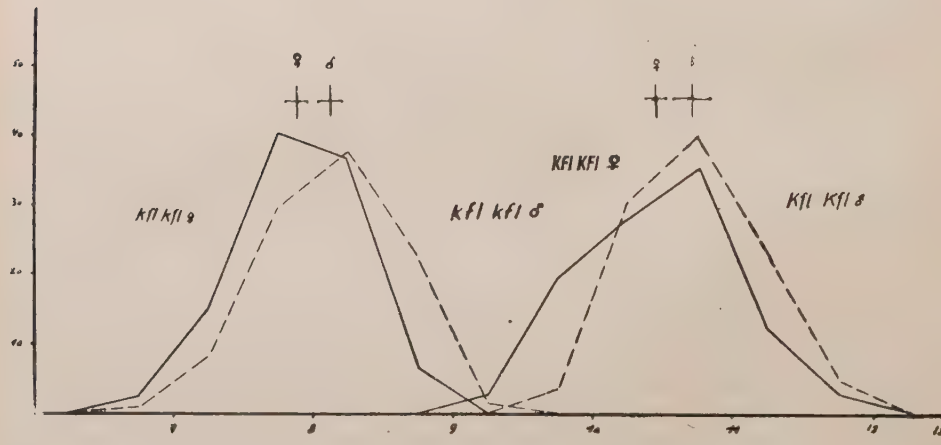
Wenn man danach fragt, wodurch die Verkürzung des Flügels auf ungefähr ¾ der normalen Flügellänge und die besonders starke Verkürzung der distalen Flügelhälfte zustande kommt, kann man zunächst an die Möglichkeit einer unvollständigen Streckung eines in normaler Größe angelegten Puppenflügels denken. Köhler (1932, S. 664 ff.) hat den Streckungsvorgang und seine Voraussetzungen in der Fältelung der Chitinlamellen des Puppenflügels eingehend beschrieben und nachgewiesen, daß die Vergrößerung der Flügelfläche beim Schlüpfen in der Länge und in der Breite über das Doppelte beträgt, und daß bei der Streckung die Proportionen der einzelnen Flügelteile stark verschoben werden. Vor der Streckung stehen die Schuppen entsprechend näher zusammen; in der Flächenansicht des Puppenflügels haben die Distalränder der frei vorragenden Deckschuppen daher viel geringere Abstände voneinander als im fertigen Falterflügel (l. c. Abb. 91—93). Wenn die Flügel der Mutationsrasse unvollständig gestreckt wären, müßte sich dies beim Vergleich mit einem Normalflügel an einem Unterschied in den Abständen der Distalränder der Schuppen erkennen lassen. Betrachtet man aber Stücke entsprechender Flügelabschnitte von Flügeln der kurzflügeligen und der normalflügeligen Rasse nebeneinander unter dem Vergleichsmikroskop, so bemerkt man keinen derartigen Unterschied in der Beschuppung. Die Deckschuppen beider Rassen haben augenscheinlich dieselben Abstände. Also beruht die Verkleinerung der Flügel nicht auf unvollständiger Streckung. Auch in der Breite der Schuppen, welche innerhalb der Reihe der Inzuchtstämme erhebliche Unterschiede aufweist, wie v. Finck (1938) nachgewiesen hat, scheinen der kurzflügelige und der normalflügelige Stamm nicht verschieden zu sein. **Durch die neue Mutation wird also offenbar die Wachstumsordnung der Flügelfläche in einer tiefgreifenden Weise verändert, ohne daß die Einzelschuppen eine gleichsinnige Veränderung erfahren.**

b) **Vergleich der Geschlechter innerhalb der Stämme.**

Henke (1937) hat bei den Mehlmottenstämmen A und B einen Unterschied zwischen beiden Geschlechtern in bezug auf die Flügellänge festgestellt: Die Männchen haben etwas längere und schlankere Flügel als die Weibchen. Ein entsprechender Unterschied in der Flügellänge findet sich auch bei dem für die Kreuzungsanalyse verwendeten wildfarbig-kurzflügeligen und schwarzschuppig-normalflügeligen Stamm (Tab. 5, Abb. 6). **Bei beiden Rassen sind die Flügel der Männchen etwas länger als die der Weibchen.**

Abb. 6.

Längenmaße von Vorderflügeln von Weibchen und Männchen aus einem normalflügeligen (Kfl Kfl) und einem kurzflügeligen (kfl kfl) Stamm. Ordinaten: % Individuen, Abszisse: Längen in mm. M ± 3 m.



Bezüglich der Flügelbreite lassen beide Stämme zwischen Männchen und Weibchen keinen gesicherten Unterschied erkennen (Tab. 6). Den absoluten Werten der Mittelwerte nach, die um etwas mehr als die Spielräume der doppelten mittleren Fehler verschieden sind, ist mit der größeren Länge bei den Männchen auch eine etwas größere Breite verbunden. Der Breitenlängenindex ist in beiden Stämmen für die Männchen etwas niedriger als für die Weibchen (Tab. 7). Da die Flügelbreite in beiden Geschlechtern etwa gleich groß und die Flügellänge bei den Weibchen kleiner ist als bei den Männchen, erscheinen die Flügel der letzteren schlanker als die der ersteren.

Im Vergleich zu dem Unterschied der Flügelgröße zwischen den beiden Stämmen ist der Unterschied zwischen Weibchen und Männchen innerhalb eines Stammes so gering, daß im folgenden die Geschlechter stets gemeinsam behandelt werden. Um aber durch ein Überwiegen der Anzahl eines Geschlechtes erzeugte Verschiebungen der Variantenverteilungen zu vermeiden, sind stets gleich viele Weibchen und Männchen gemessen worden.

c) Die Flügelgröße in den Kreuzungen.

Die für die Kreuzungsanalyse benutzten wildfarbig-kurzflügeligen Individuen stammen aus der in Tab. 1 angegebenen Kreuzung; sie waren noch eine weitere Generation lang untereinander gepaart worden. Die Schwarzschuppigen stammten aus dem mit S 17 t bezeichneten Stamm des Instituts und befanden sich bereits in der fünften Inzuchtgeneration.

Zwischen den Reziproken in F_1 ist kein Unterschied in Bezug auf Länge, Breite und Breitenlängenindex festzustellen, so daß das gesamte Material vereinigt behandelt werden darf. Die Kurve der Flügelvariantenverteilung in F_1 verläuft sehr ähnlich wie die der normalflügeligen Rasse (Abb. 2).

Der Mittelwert der F_1 mit 10,34 ± 0,05 etwas niedriger als der Mittelwert des normalflügligen P-Stammes (10,60 ± 0,08). Die Flügelbreite der F_1 stimmt mit der der Ausgangsstämme überein (Tab. 6). Die Kurven der Breitenlängenindices der F_1 und der normalflügeligen Rasse verlaufen gleichartig. Die Mittelwerte unterscheiden sich in einem geringen Betrag in entsprechendem Sinne wie die der Flügellängen.

In F_2 spalteten die Längenkurven der Kurzflügeligen und der Normalflügeligen deutlich wieder heraus (Abb. 2, 3 und Tab. 2, 4). Die Variantenkurven der Flügellängen sind ganz getrennt, die der Breitenlängenindices überschneiden sich wenig. Die Unterschiede sind gleichartig wie die zwischen den Ausgangsstämmen. Der Mittelwert für die herausgespaltenen Kurzflügeligen mit 8,25 ± 0,07 ist um 2,86% größer als der des kurzflügeligen Ausgangsstammes mit 8,02 ± 0,05. Die in F_2 aufgetretenen normalflügeligen Individuen besitzen einen um 2,08% kleineren Mittelwert (10,34 ± 0,09) als der entsprechende P-Stamm (10,60 ± 0,08).

In der Flügelbreite sind die Mittelwerte beider Gruppen in F_2 kleiner als die Mittelwerte der P-Stämme. Dabei sind ebenso wie bei diesen die Kurzflügeligen etwas schmaler als die Normalflügeligen. Die Vergrößerung der Länge und Verkleinerung der Breite in F_2 bringt eine Verkleinerung der

Breitenlängenindices gegenüber den Ausgangsstämmen mit sich (Tab. 7). Bei den Kurzflügeligen beträgt sie 4,6 %, bei den Normalflügeligen nur 1,4% der für den P-Stamm gültigen Werte.

Bei der Rückkreuzung F_1 × kurzflügelig spalteten kurzflügelige und normalflügelige Individuen heraus. Wie Abb. 2 und 3 und Tab. 5 und 7 zeigen, stimmen diese beiden mit den Ausgangsstämmen in bezug auf Flügellänge und Breitenlängenindex überein. Bezüglich der Flügelbreite ist zwischen den aus der Rückkreuzung stammenden Gruppen und den P-Stämmen ein Unterschied statistisch feststellbar, der im selben Sinne wie in der F_2 liegt. Der relative Unterschied in der Breite zwischen den Kurz- und Normalflügeligen ist dabei gewahrt.

Da die Flügelmaße bekanntlich durch verschiedene Außenbedingungen modifikabel sind und die Rückkreuzungen durchaus mit den Längen der P-Rassen übereinstimmen, sind die geringen Abweichungen in F_1 und F_2 als Modifikation anzusehen. Es zeigt sich, weder eine intermediäre Ausbildung noch eine Heterosis der Flügellänge bei den Bastarden, wie sie Henke beobachtet hat. Auch die Statistik der Flügelmaße zeigt also, daß die Kurzflügeligkeit einfach rezessiv vererbt wird.

Da der an sich geringe Breitenunterschied zwischen den Kurzflügeligen und den Normalflügeligen auch in F_2 und in der Rückkreuzung im selben Sinne wiederkehrt, ist **auch die Flügelverschmälerung als Wirkung derselben Mutation Kfl kfl anzusehen.**

II. Vitalitätsunterschiede zwischen fünf Mehlmottenstämmen mit einfach rezessiven Mutationen und Kreuzungskombinationen zwischen ihnen.

Für diese Versuche wurden fünf Stämme mit den rezessiven Merkmalen rotäugig (aa), schwarzschuppig (bb), kurzflüglig (kfl kfl), hellschuppig (gehemmt ausgefärbt, he he) und dunkles Feld im Zentralfeld (df df) verwandt.

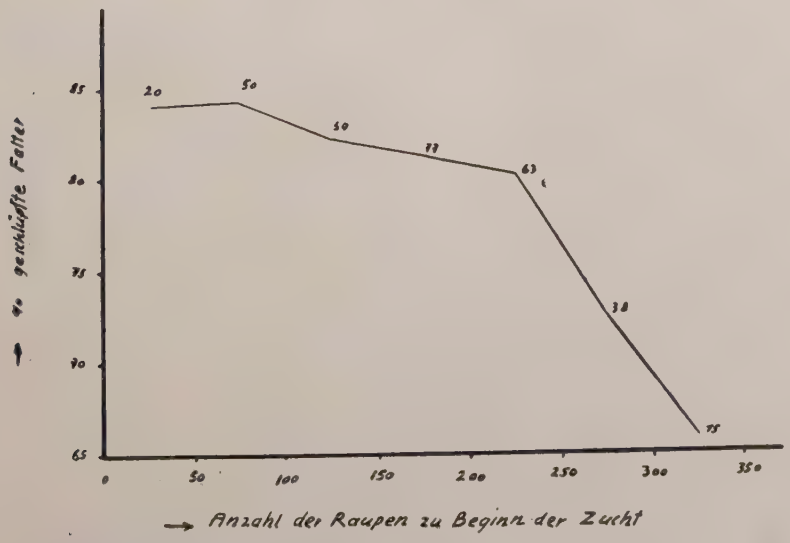
Die Vitalität einer Rasse setzt sich aus einer Reihe von **Einzelleistungen** zusammen. Unter ihnen lassen sich durch Zuchtversuche unmittelbar zahlenmäßig erfassen die Entwicklungsfähigkeit der Eier eines Genotypus in dem Prozentsatz der bis zur schlüpfenden Raupe sich entwickelnden Eier, die Anzahl der ein bestimmtes Stadium, schließlich die Verpuppung erreichenden Raupen und der Prozentsatz der Falter ergebenden Puppen. Während der Raupenentwicklung und

vielleicht auch für das Schlüpfen und die volle Entfaltung des Falters spielt bei der Art der Zucht der Mehlmotte in einer dauernd besiedelten, allmählich aufgebrauchten, von Exkrementen durchsetzten und von Spinnfäden durchzogenen Futtermasse die Besetzung der Zuchten eine große Rolle. Die Kurve der Abbildung 7 veranschaulicht die **Abhängigkeit zwischen dem Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Tiere und der Anzahl der Raupen,** mit welchen die Zucht beginnt. Es liegen ihr Erhebungen zugrunde, die im Zusammenhang mit anderen Vitalitätsuntersuchungen im K.-W.-Inst. f. B. an 327 Zuchten in gleich großen Schalen mit gleichen Futtermengen mit gezählten Eiraupen gemacht wurden. Die Kurve zeigt, daß bis zu 100 Stück keine Beeinträchtigung der Entwicklung durch die steigende Besetzung zu bemerken ist. Bei weiterem Anstieg der Besetzung sinkt bis zu 200 Stück die Anzahl der schlüpfenden Falter langsam, dann fällt sie stark.

Festgestellt wurde in der vorliegenden Untersuchung die Anzahl der erfolgreichen Paarungen, die Gelegegröße, die Anzahl der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier und der bis zum Falter sich entwickelnden Raupen bei den einzelnen

Abb. 7.

Abhängigkeit der Anzahl der fertig entwickelten Falter von der Besetzung der Zucht. Die Zahlen bei jedem Kurvenpunkt geben die Anzahl der jeweils dem Mittelwert zugrundeliegenden Zuchten an.



Stämmen und aus ihnen gewonnenen F_1-Generationen, sowie bei den Nachzuchten aus F_2, die jeweils wieder ein rezessives Gen eines Ausgangsstammes homozygot oder homozygote Neukombinationen zweier bestimmten Gene führten, die vorher in verschiedenen Stämmen enthalten waren. Da die einzelnen, die Vitalität eines Stammes bedingenden Teilerscheinungen durch Außenbedingungen modifiziert werden, wurde dafür gesorgt, daß die Zuchten möglichst gleichzeitig unter denselben Lebensbedingungen liefen. Um sichere Werte zu erhalten, war es erwünscht, möglichst viele Zuchten anzusetzen. Ihre Zahl wurde aber durch den Platz in den zur Verfügung stehenden Thermostaten beschränkt. Für die Feststellung der „Aufwuchszahl" (Geissel) wäre es nach dem oben Ausgeführten nötig gewesen, für jede Zucht stets dieselbe Anzahl von Eiräupchen anzusetzen, und zwar entweder eine so kleine Anzahl, daß eine erhebliche Konkurrenz die Anzahl der heranwachsenden nicht stark beeinträchtigt, also etwa je 100 Stück, oder eine bestimmte große Anzahl, die eine scharfe, aber für alle Zuchten von Beginn an gleiche Konkurrenz zur Folge hat. Das ließ sich nicht durchführen. So wurde das Schwergewicht auf die Feststellung des Paarungserfolgs, der Gelegegröße und der Schlüpfzahl der Raupen gelegt. Nach Ermittlung der entsprechenden Werte wurden viele Zuchten abgesetzt, wodurch die freigewordenen Schalen und Thermostatenräume immer wieder verwendet werden konnten. Um den Prozentsatz der nicht bis zur Raupe sich entwickelnden Eier zu bestimmen, wurde nach der von Schwartz (1937) angegebenen Methode verfahren: Die Gelege wurden in den Zuchtschalen ohne Futter abgelegt. Eier, die am Schalenrande oder am Deckel hafteten, wurden beseitigt und die übrigen unter der Lupe gezählt. Das Futter wurde in den Deckel der nunmehr umgedrehten Schale gegeben. Die geschlüpften Räupchen krochen dann in das Futter hinein; dann wurden die übriggebliebenen Eier unter dem Binokular untersucht und so festgestellt, wieviele Eier unentwickelt geblieben waren. Die Versuche wurden parallel laufend bei 25° und bei 18° durchgeführt, mit Ausnahme der Zuchten des kurzflügligen Stammes, da dieses Merkmal sich nur bei 25° manifestiert. Die Zuchten der anderen Stämme kamen aus Zimmertemperatur. Mit der ersten in den Thermostaten aufgewachsenen Generation wurden keine Versuche unternommen. Die folgenden drei Generationen lieferten die F_1-Kreuzung, F_2-Kreuzung und den Ausgang für die Nachzucht der einfach und doppelt Rezessiven. In den Werten für die untersuchten Vitalitätserscheinungen den gleichzeitig laufenden Kontrollzuchten der reinen Ausgangsstämme zeigten sich zwischen diesen drei Generationen keine Unter-

schiede. In der vierten Generation bei 18° und in der vierten bis sechsten Generation bei 25° trat in Zuchten des rotäugigen und des schwarzschuppigen Kontrollstammes eine Abnahme der Gelegegröße und Zunahme der Eier-, Raupen- und Puppensterblichkeit ein. Diese Generationen wurden soweit berücksichtigt, als sie Kontrollzuchten für eine Gruppe der letzten Nachzuchten aus den Kreuzungen bildeten. Hierauf wird später eingegangen.

Zwischen den bei 25° und bei 18° gehaltenen Zuchten eines Stammes ergaben sich in den geprüften Generationen keine gesicherten Unterschiede. (Tab. 9—12, 15—17, 19—21). So stellen die beiden Temperaturzuchtgruppen innerhalb jedes einzelnen Stammes der Kreuzungen und der Nachzuchten, Kontrollen zueinander dar und können beim Vergleich der verschiedenen Stämme bzw. Kreuzungen jeweils miteinander zusammengefaßt werden.

A. Vitalitätsunterschiede zwischen den fünf Stämmen.

Die Vitalitätsunterschiede der geprüften Stämme können von vornherein durchaus nicht auf den Besitz der genannten Mutationen bezogen werden. Für einen Teil von diesen sind vitalitätssenkende Wirkungen durch Kreuzungsversuche festgestellt (vgl. S. 6). Aber diese sagen über die Vitalitätswirkung einer Einzelmutation nur dadurch etwas aus, daß die Mutanten in einer Individuengruppe herausspalten, deren Genotypus sonst einheitlich ist oder als wahrscheinlichkeitsmäßig gleichförmig gemischt angesehen werden kann. Zunächst dienen also die jeweiligen rezessiven Mutationen nur zur Kennzeichnung der Stämme. Um diese kurz zu bezeichnen, nennen wir sie mit römischen Zahlen unter Zusatz der kennzeichnenden Mutation als Suffix I_a, II_b, III_{kfl}, IV_{he} und V_{df}.

a) Erfolgreiche Paarungen.

Es ist eine alte Erfahrung der Ephestiazucht, daß es Stämme mit gut und solche mit schlecht angehenden Einzelzuchten gibt. Manche Tiere kopulieren überhaupt nicht oder sterben in der Kopulationsstellung, oder wenn sie sich trennen, legt das Weibchen keine Eier. Bisweilen legt das Weibchen zwar Eier, deren Anzahl aber 90 Stück nicht überschreitet, und diese entwickeln sich nicht. Um die Fehlerquelle auszuschalten, daß ein Weibchen nicht kopulierte, weil schon eine Kopulation vorangegangen war, wurden im Versuch nur frisch ausgeschlüpfte oder in der charakteristischen Stellung der Kopulabereitschaft befindliche Tiere angesetzt.

Die absteigende Reihenfolge der Stämme im Prozentsatz erfolgreicher Paarungen (Tab. 9) ist: III_{kfl}, I_a, II_b, IV_{he}, V_{df}. Der weitaus höchste Wert von III_{kfl} ist gegenüber II_b und den folgenden statistisch gesichert durch den Spielraum des dreifachen mittleren Fehlers, nicht aber gegenüber dem Wert von I_a; doch überschneiden die Spielräume $\pm$ 2 m sich auch zwischen III_{kfl} und I_a nicht mehr. Der außerordentlich niedere Wert von V_{df} ist von allen anderen Stämmen sicher getrennt.

Tabelle 9.

Prozentsatz fruchtbarer Paarungen in den untersuchten Stämmen.

Stämme	Zuchttemperatur	Anzahl der Paare	Prozentsatz fruchtbarer Paarungen + 3 m
	18°	176	57,97 ± 11,16
I_a	25°	115	58,25 ± 13,80
	zusammen	291	58,08 ± 8,68
	18°	228	49,59 ± 9,93
II_b	25°	153	43,75 ± 12,03
	zusammen	381	47,25 ± 7,68
III_{kfl}	25°	37	81,07 ± 19,35
	18°	216	42,55 ± 10,08
IV_{he}	25°	165	43,08 ± 13,30
	zusammen	381	42,75 ± 7,32
	18°	100	28,00 ± 13,39
V_{df}	25°	167	22,75 ± 9,72
	zusammen	267	24,80 ± 7,92

Die hellschuppigen Tiere lassen eine verminderte Lebensfähigkeit an einer gewissen Schwäche ihres Chitins erkennen. Sie werden durch Anfassen mit der Pinzette leichter verletzt als Tiere anderer Stämme. Bisweilen fallen ihnen leicht einzelne Glieder der Beine ab. Diese Erscheinung wurde in verschiedenen Zuchten in unterschiedlichem Maße beobachtet. Die durch dunkles Feld im Zentralfeld gekennzeichneten Tiere konnten sich häufig in der Kopulastellung nicht trennen. Wahrscheinlich liegt die Ursache hiervon an den Weibchen; denn die Männchen, welche mit Weibchen anderer Stämme gekreuzt wurden, trennten sich meistens in normaler Weise von den Weibchen, und diese legten Eier ab.

b) Gelegegröße.

Keiner der untersuchten Stämme erreicht in der mittleren Gelegegröße die Werte der Gruppe mit „großen Gelegen" unter den von Geissel (1936, S. 406 ff.) untersuchten Stämmen. Dort wurden von zwei Stämmen Werte von M± 3 m = 351 ± 39,6 und 308,9 ± 34,2 erreicht. Von den hier untersuchten Stämmen (Tab. 10) ordnet sich der Stamm I_a mit 267,00 ± 17,55 in die Geisselsche Gruppe mit „mittlerer Gelegegröße" (l. c. S. 406, Stamm XXII mit 273,0±33,9) ein, während die Stämme II_b mit 221,50 ± 15,21 und III_{kfl} mit 220,00 ± 30,90 zu der Geisselschen Gruppe mit „kleinen Gelegen" gehören, die bei Geissel Werte von M ± 3 m = 228,0 ± 37,5 bis herab zu 184,6 ± 29,1 umfaßt. Die Stämme IV_{he} mit 144,00 ± 7,77 und V_{df} mit 134,0 ± 11,64 liegen weit darunter in einem unter Geissels Stämmen nicht vertretenen Bereich „sehr kleiner Gelege". Statistisch durch den Bereich des dreifachen mittleren Fehlers gesichert unterscheiden sich der Stamm I_a von allen anderen und die Stämme II_b und III_{kfl} gemeinsam von IV_{he} und V_{df}. Nicht nur in den Mittelwerten, sondern auch im Verlauf der Variantenkurven (Abb. 8) läßt sich die Abstufung der Legeleistung der 5 Stämme gut erkennen. Auch der Rückgang der erreichten Maximalzahlen ist ganz eindeutig (Tab. 10).

Abb. 8.
Variationskurven der Gelegegröße in den fünf untersuchten Mehlmottenstämmen. Ordinaten: % Gelege, Abzisse Anzahl der Eier im Gelege.

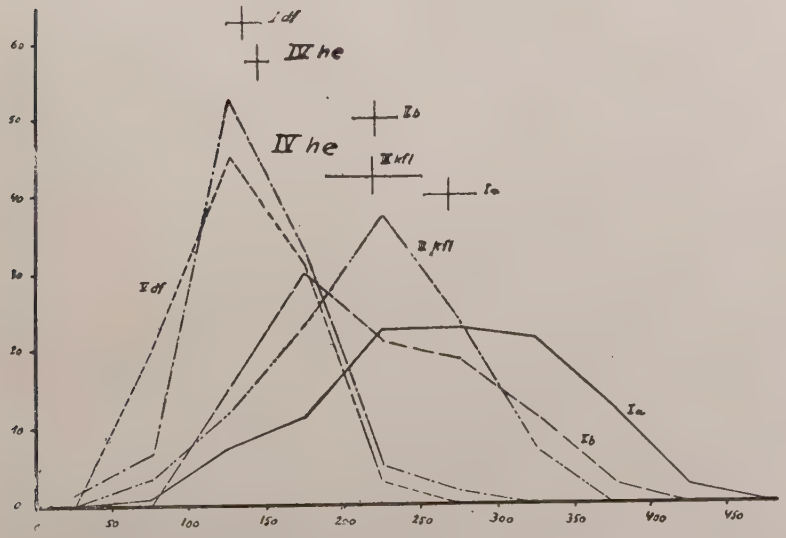


Tabelle 10.

Gelegegrößen der untersuchten Stämme.

Stamm bezw. Kreuzg.	Zucht-tempe-ratur	Anzahl der Eier im Gelege										n	M ± 3 m
		50	100	150	200	250	300	350	400	450	500		
	18°		1	9	8	20	26	25	12	1		102	267,50±23,11
Ia	25°			3	11	18	13	11	8	2	1	67	266,50±28,60
	zus.		1	12	19	38	39	36	20	3	1	169	267,00±17,55
	18°			14	36	25	19	13	6			113	224,60±19,20
IIb	25°			13	18	13	15	8				67	215,50±24,00
	zus.			27	54	38	34	21	6			180	221,50±15,21
IIIkfl	25°		1	2	7	11	7	2				30	220,00±30,90
	18°	1	6	55	25	4	1					92	140,50±10,50
IVhe	25°	1	5	31	28	4	2					71	149,00±16,92
	zus.	2	11	86	53	8	3					163	144,00± 7,77
	18°		7	17	13	1						38	135,50±15,33
Vdf	25°		6	13	8	1						28	132,00±18,18
	zus.		13	30	21	2						66	134,00±11,64

Tabelle 11.

Prozentsatz der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier in den untersuchten Stämmen.

Stämme	Zucht-temperat	% geschlüpfter Raupen								Anzahl d. Zuchten	M ± 3 m	Gesamt-anzahl der Eier	% geschlüpft. Raup. ± 3 m
		20	30	40	50	60	70	80	90				
	18°				1	1	9	30	46	87	88,70±2,79	22 497	90,25±0,57
Ia	25°	1	1				3	20	36	61	88,60±4,63	16 205	89,00±0,72
	zus.	1	1		1	1	12	50	82	148	88,65±2,46	38 702	89,93±0,45
	18°	1			4	4	12	46	29	96	84,07±3,51	22 164	84,25±0,72
IIb	25°				2	1	6	35	13	57	84,83±3,36	13 519	82,30±1,02
	zus.	1			6	5	18	81	42	153	84,35±2,55	35 683	83,45±0,57
IIIkfl	25°						3	15	5	23	85,87±3,57	5 479	82,80±1,53
	18°	1	1		2	2	8	33	14	61	82,54±4,23	9 032	82,40±1,17
IVhe	25°					3	7	28	1	39	81,94±3,12	6 003	82,50±1,47
	zus.	1	1		2	5	15	61	15	100	82,30±3,30	15 035	82,45±1,05
	18°			1	2		4	8	11	26	83,85±8,04	3 668	82,53±1,86
Vdf	15°			1		2	4	12	4	23	81,52±7,05	3 179	81,25±2,07
	zus.			2	2	2	8	20	15	49	82,76±4,80	6 847	82,15±1,38

c) Prozentsatz der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier.

Die Anzahl der aus dem Ei schlüpfenden Raupen (Tab. 11) war in allen untersuchten Reinzuchten im Verhältnis zu Geissels Inzuchtstämmen hoch; sie lag zwischen 80 und 90%. Den weitaus höchsten, bei Berechnung des Prozentsatzes des Gesamtmaterials (Tab. 11) statistisch hochgesicherten Mittelwert erreichte der Stamm I_a. Bei allen anderen Stämmen übergreifen einander die Spielräume der dreifachen mittleren Fehler.

d) Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Eiraupen.

Im Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Eiräupchen, also in der Sterblichkeit der Raupen und Puppen, unterscheiden sich alle untersuchten Stämme in statistisch völlig (durch $\pm$ 3 m) oder nahezu gesicherter Weise mit Ausnahme der Stämme III_{kfl} und V_{df} (Tab. 12). Die Stämme stehen in der Reihenfolge I_a, II_b, IV_{he}, III_{kfl}, V_{df} hintereinander. Diese Werte haben jedoch nur bedingte Bedeutung, da die Anzahl der Raupen, mit denen die Zuchten begannen, entsprechend den Unterschieden in den Gelegegrößen und Raupenschlüpfzahlen ungleich war. Da aber eine Erhöhung dieser letzten beiden Werte die Konkurrenz verstärkt und damit die Falterzahl verhältnismäßig herabsetzen wird (vgl. Abb. 7), so können Unterschiede in der Falterzahl zwischen Stämmen doch als reell angesehen werden, wenn sie im selben Sinne wie die Unterschiede der Gelegegrößen und der Raupenzahlen liegen, oder wenn zwischen den Stämmen in diesen letzten Größen keine Unterschiede bestehen. So ist den Stämmen I_a und II_b sicher eine verhältnismäßig hohe Entwicklungsfähigkeit gegenüber den Stämmen III_{kfl} und V_{df} zuzusprechen.

e) Vergleich der Stämme.

In Tab. 13 sind die fünf Stämme nach den Graden ihrer Vitalitätsleistungen verglichen. Für den Prozentsatz zu Raupen sich entwickelnder Eier, zu Faltern sich entwickelnder Raupen, fruchtbarer Paarungen und für die Legeleistung ist jeweils angegeben, um wieviel Prozent jeder Stamm den in bezug auf diese Leistung schwächsten Stamm übertrifft. Für die Leistungen, bei denen ein Mittelwert aus Prozentsätzen von Einzelzuchten und ein Gesamtprozentsatz errechnet ist (Tab. 11, 12), ist der Durchschnittswert dieser beiden Werte der Vergleichung zugrunde gelegt. Die stärksten Unterschiede zeigen sich in der Anzahl der fruchtbaren Paarungen,

Tabelle 12.

Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Eiraupen bei den untersuchten Stämmen.

Stämme	Zucht-temperatur	% geschlüpfter Eier							Anzahl der Zuchten	M ± 3 m	Gesamt-anzahl der Eier	% geschlüpfter Falter ± 3 m
		40	50	60	70	80	90	100				
Ia	18°							22	22	95,00±0,00	5 021	95,25±0,90
	25°						1	20	21	94,50±1,29	4 527	95,20±0,93
	zus.						1	42	43	94,80±0,45	9 948	95,25±0,63
IIa	18°						6	21	27	92,80±0,75	5 331	93,31±1,02
	25°						6	20	26	92,70±0,75	5 614	92,00±1,05
	zus.						12	41	53	92,73±0,60	10 945	92,75±0,82
IIIkfl	25°				2	7	5	2	16	79,38±6,48	3 232	79,45±2,13
IVhe	18°					2	18	8	28	87,14±3.09	3 668	88,35±1,53
	25°				1	2	6	14	23	89,34±5,19	3 063	88,00±1,74
	zus.				1	4	24	22	51	88,14±2,82	6 331	88,30±1,14
Vdf	18°			1	1	2	12	4	20	83,51±6,55	2 521	83,35±2,19
	25°	1	1	4	2	2	3	7	20	75,04±12,90	2 074	76,00±2,76
	zus.	1	1	5	3	4	15	11	40	79,24±7,50	4 795	79,99±1,51

Tabelle 13.

Vergleich der einzelnen Stämme in bezug auf den Grad der einzelnen Vitalitätsleistungen.

Für die fett gesetzten Zahlen ist die Differenz der Mittelwerte größer als der dreifache mittlere Fehler.

Stamm	% Mehrleistung als der jeweils schwächste Stamm			
	Raupeneier	Falter / Raupen	fruchtb. Paarungen	Gelegegröße
Ia	**8,2**	**19,70**	**134,3**	**99,3**
IIb	1,8	**16,5**	**90,7**	**65,3**
III_{kfl}	2,3	—	**226,9**	**64,1**
IVhe	—	**11,1**	**72,5**	**7,1**
Vdf	0,1	0,2	—	—

wo der Stamm III_{kfl} den Stamm V_{df} um 226,9% übertrifft. Ebenfalls sehr beträchtlich sind die Unterschiede in der Legeleistung, worin Stamm I_a um 99,3% mehr leistet als Stamm V_{df}. Reiht man die Stämme für jede Einzelleistung in absteigender Folge hintereinander (Tab. 14), so läßt sich eine **Abstufung aller Stämme in ihrer Vitalität** im ganzen erkennen. Stämme, deren Werte praktisch übereinstimmen, sind zusammen eingeklammert. Stamm I_a steht in fast allen Leistungen an der

Spitze der Reihe; er wird nur in der Anzahl erfolgreicher Paarungen durch III_{kfl} übertroffen. Stamm V_{df} steht immer am Schluß, meist zusammen mit IV_{he}. Im übrigen ist die Reihenfolge aber doch nicht ganz gleichsinnig. Stamm II_b steht meist neben I_a, gehört aber in der Entwicklungsfähigkeit der Eier und in der Gelegegröße mit III_{kfl} in eine Gruppe. Stamm III_{kfl} stimmt in der Entwicklung von der Eiraupe bis zum Falter mit dem Stamm V_{df} überein, von dem er sich in dem Paarungserfolg am meisten unterscheidet. Diese Erscheinung stimmt mit der Feststellung Geissels (1936) überein, daß bei verschiedenen Inzuchtstämmen einzelne als Ausdruck der Vitalität zu bewertende Eigenschaften, vor allem Gelegegröße und Aufwachszahl häufig in verschiedenem Sinne kombiniert sind.

Tabelle 14.

Reihenfolge der Rassen in bezug auf die einzelnen Vitalitätsleistungen.

Prozentsatz der	zu Raupen sich entwickelnden Eier	I_a (III_{kf} II_b) (V_{df} IV_{he})
	zu Faltern sich entwickelnd. Raupen	I_a II_b IV_{he} (III_{kfl} V_{df})
	fruchtbaren Paarungen	III_{kfl} I_a II_b IV_{he} V_{df}
Legeleistung der Falter		I_a (II_b III_{kfl}) IV_{he} V_{df}

B. Vitalitätsunterschiede zwischen F_1 und den Ausgangsstämmen.

Der mittlere Prozentsatz der **bis zur Raupe sich entwickelnden Eier** war in den F_1-Zuchten in allen Fällen erhöht (Tab. 15). Der niedrigste Prozentsatz schlüpfender Eiraupen wird in der Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$ erreicht mit nur 87,86 ± 4,44 als Mittelwert aus den Einzelzuchtmittelwerten bzw. 88,25 ± 0,99 als Gesamtprozentsatz. Er liegt um 4,4% über dem Mittelwert desjenigen Ausgangsstammes, der die höhere Anzahl von Eiraupen hervorbringt. Aber die Fehlerspielräume der F_1 und der Ausgangsstämme übergreifen sich weit. Sonst liegen alle Raupenschlüpfwerte von F_1 zwischen 92,75% und 94,60% der Eier (nach der Berechnung aus den Einzelzuchtmittelwerten) bzw. 93,00% und 94,45% (als Gesamtprozentsatz). Bei den Kreuzungen $I_a \times II_b$ und $II_b \times IV_{he}$ sind die Spielräume des dreifachen mittleren Fehlers der Mittelwerte aus den Einzelzuchtwerten, bei sämtlichen Kreuzungen die Spielräume der dreifachen mittleren Fehler der Gesamtprozentsätze der F_1 von denen der Ausgangsstämme getrennt. Es zeigt sich also eine **deutliche Heterosis.** Innerhalb dieser Gruppe der F_1-Zuchten überschneiden sich die Spielräume

der dreifachen mittleren Fehler bei der Bewertung der Einzelzuchten, und auch die ± 3 m-Spielräume der Gesamtprozente fallen nicht auseinander (Tab. 15). Es sind also zwischen den F_1-Genotypen verschiedener Zusammensetzung keine Unterschiede in der Entwicklungsfähigkeit der Eier bis zur Raupe vorhanden, mit Ausnahme der Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$. In Tabelle 18 ist die Abweichung der F_1 in % von dem jeweils vitaleren der in die Kreuzung eingegangenen Stämme angegeben. Den Mittelwerten bzw. den Gesamtprozentsätzen nach bringt die Kreuzung $II_b \times IV_{he}$ einen etwa doppelt so großen prozentischen Zuwachs als bei den übrigen Kreuzungen; bei Berücksichtigung der Einzelzuchten überschneiden sich aber die ± 3 m-Spielräume weit (Tab. 11 und 15).

Tabelle 15.

Prozentsatz der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier in F_1-Zuchten nach Kreuzung der in Tabelle 11 aufgeführten Stämme.

Kreuzungen	Zuchttemperatur	% geschlüpfte Raupen 50	60	70	80	90	100	Anzahl der Zuchten	M ± 3 m	Ges.-anzahl d. Eier	% geschlüpfte Raupen ± 3 m
F_1 aus I_a	18°					2	27	29	94,31±1 38	10 139	94,75±0,6
	25°						11	11	95,00±0,00	4 225	93,75±1,2
× II_b	zus.					2	38	40	94,48±0,99	14 364	94,45±0,6
F_1 aus I_a	18°					5	20	25	93,00±2.40	7 658	93,50±0,8
	25°					4	11	15	92,44±3,36	5 029	92,00±1,1
× IV_{he}	zus.					9	31	40	92,74±1,95	12 687	93,00±0,6
F_1 aus II_b	18°					1	13	14	94,29±1,91	4 529	94,50±1,0
	25°						11	11	95,00±0,00	3 332	95,50±1,0
× IV_{he}	zus.					1	24	25	94,60±1,14	7 861	94,85±0,8
F_1 aus II_b × III_{kfl}	25°	1			5	15	21	42	87,86±4,44	9 333	88,[illegible]±0,9

Die Anzahl der von der Eiraupe bis zum Falter sich entwickelnden Tiere in den von je einem Paar stammenden Zuchten kann der Vergleichung nicht zugrunde gelegt werden, da die Besetzung der Zuchten in F_1 infolge der erhöhten Anzahl der Eiraupen in den gleichgroßen Gefäßen und in derselben Futtermenge größer ist. Da Versuche, diese Fehlerquelle zu beseitigen, nicht gemacht wurden, wird dieser Abschnitt der Entwicklung für die F_1 nicht bewertet. Die Mittelwerte lagen im allgemeinen sogar etwas unter denen der Ausgangsstämme.

Die Mittelwerte für die **erfolgreichen Paarungen** der F_1-Tiere waren in allen Fällen mit Ausnahme der F_1 aus

$II_b \times III_{kfl}$ viel höher als in den Ausgangsstämmen (Tab. 16). Für $I_a \times II_b$ und $II_b \times IV_{he}$ sind die Werte hoch, für $II_b \times IV_{he}$ nahezu statistisch gesichert verschieden. Die Unterschiede der F_1-Zuchten verschiedener Herkunft sind kleiner als die zwischen den Ausgangsstämmen. Den höchsten verhältnismäßigen Zuwachs erfuhr die F_1 aus $II_b \times IV_{he}$.

In der **Legeleistung** übertreffen die Weibchen der F_1-Generation in allen Fällen mit Ausnahme der F_1 aus der Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$ die Elternstämme (Tab. 17, vgl. Tab. 10).

Tabelle 16.

Prozentsatz fruchtbarer Paarungen zwischen F_1-Individuen nach Kreuzung der in Tabelle 9 aufgeführten Stämme.

Stamm	Zuchttemperatur	Anzahl der Paare	% fruchtbare Paarungen ± 3 m
	18°	38	89,50±14,73
F_1 aus $I_a \times II_b$	25°	12	100,00±0
	zusammen	50	92,00±11,52
	18°	32	81.25±18,69
F_1 aus $I_a \times IV_{he}$	25°	21	80,96±25,68
	zusammen	53	81,14±16,05
F_1 aus $II_b \times III_{kfl}$	25°	63	75,00±16,23
	18°	21	90,48±19,62
F_1 aus $II_b \times IV_{he}$	25°	11	100,00±0
	zusammen	32	93,75±12,96

Tabelle 17.

Gelegegröße von F_1-♀ nach Kreuzung der in Tabelle 10 aufgeführten Stämme.

	Zucht-temp	Gelegegröße 100	150	200	250	300	350	400	450	n	M ± 3 m
	18°		1	3	6	6	7	6	5	34	353,00±42,18
F_1 aus $I_a \times II_b$	25°				2	3	3	2	2	12	370,34±80,40
	zus.		1	3	8	9	10	8	7	46	357,50±33,24
	18°			7	6	5	4	4		26	310,00±41,10
F_1 aus $I_a \times IV_{he}$	25°			2	5	5	3	2		17	319,12±58,74
	zus.			9	11	10	7	6		43	314,50±35,70
F_1 aus $II_b \times III_{kfl}$	25°	1	14	21	11					47	220,00±16,20
	18°			7	6	3	2	1		19	234,89±41,67
F_1 aus $II_b \times IV_{he}$	25°			2	3	4	2			11	302,27±44,73
	zus.			9	9	7	4	1		30	290,00±30,63

Das beweist, daß die verhältnismäßig niederen Gelegegrößen aller verwendeten Stämme genotypisch bedingt waren. Für die Kreuzung $I_a \times IV_{he}$ ist der Unterschied, der 16,4% über die Gelegegröße des vitaleren Stammes I_a beträgt, gegenüber diesem Stamm in den Mittelwerten aus den Einzelzuchten nicht statistisch gesichert. Sonst überschneiden sich die Spielräume $\pm$ 3 m der Mittelwerte der F_1-Tiere nicht mit denen beider Elternstämme. Es ist also eine sichere **Heterosis** vorhanden.

Geissel (1936, S. 406 ff.) hat bei seiner Untersuchung wildfarbiger Inzuchtstämme zwei Stämme mit großer Gelegegröße unter sich und mit Stämmen von mittlerer und kleiner Gelegegröße gekreuzt. In keinem Falle ergab sich eine gesicherte Heterosis. In allen Fällen überschnitten sich schon die Spielräume des zweifachen mittleren Fehlers der Mittelwerte der F_1-Gelege und der Gelege des Stammes mit der größeren Gelegegröße. Die Ergebnisse waren also einfach zu interpretieren durch Dominanz eines Faktors bzw. mehrerer Faktoren, welche die Gelegegröße steigern und bei dem Ausgangsstamm mit höherer Gelegegröße vorhanden sind, während sie dem Stamm mit niederer Gelegegröße fehlen.

In den hier vorliegenden Kreuzungen sind jeweils Stämme vereinigt worden, von denen jeder Partnerstamm ein anderes sichtbares rezessives Gen enthielt. Es ist möglich, daß die entsprechenden Wildformallele, die in der F_1 vereinigt wurden, an der Heterosis beteiligt sind, aber es wird durch diesen Kreuzungserfolg noch nicht bewiesen. Jedenfalls sind dabei die Genpaare A/a, B/b, Kfl/kfl und He/he einander nicht einfach gleichwertig. Sämtliche F_1-Individuen entsprechen als Heterozygote für die eingeführten rezessiven Gene in der Erscheinungsform jetzt der Wildform. Trotzdem sind noch erhebliche Unterschiede zwischen den F_1-Gelegegrößen vorhanden. Die F_1 aus der Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$ fällt noch in die Gruppe kleiner Gelege (vgl. S. 29). Die Kreuzung $II_b \times IV_{he}$ liefert Bastarde mit mittelgroßen Gelegen. Die F_1-Weibchen aus der Kreuzung $I_a \times II_b$ liefern ausgesprochen große Gelege. Diese drei Typen sind statistisch sicher getrennt, während der Spielraum des dreifachen mittleren Fehlers von $I_a \times IV_{he}$ mit der höchsten und der mittleren Stufe der F_1-Gelege sich überschneidet. Es bestehen also zwischen den phänotypisch der Wildform entsprechenden F_1-Genotypen aus verschiedenen Elternstämmen noch deutliche Unterschiede. Diese können darauf zurückzuführen sein, daß die beteiligten sichtbaren Faktoren in homo- und heterozygotem Zustand in bezug auf die Gelegegröße verschieden zusammenarbeiten. Sie können aber auch darauf beruhen, daß die Vitalitätsunterschiede

zwischen den Stämmen und das Zurückbleiben eines Teils der Bastarde hinter der an sich mit A, B, He möglichen Gelegegröße, die durch die Kreuzung $I_a \times II_b$ belegt wird, auf anderen, nicht äußerlich sichtbaren die Legeleistung beeinflussenden Faktoren beruht; diese können in den Inzuchtstämmen in bestimmter Weise verteilt sein. Oder es können die äußerlich sichtbaren Faktoren mit unsichtbaren Vitalitätsfaktoren bei der Abstufung der Legeleistungen zusammenwirken.

Vergleicht man die Abweichungen der F_1 von den Elternstämmen in bezug auf die einzelnen Vitalitätsleistungen: Prozentsatz der schlüpfenden Eiraupen, Prozentsatz der fruchtbaren Paarungen und die Gelegegröße, ausgedrückt in % des jeweils für den vitaleren Elternstamm gültigen Wertes (Tab. 18), so fällt auf, daß die Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$ in der ersten Leistung vielleicht eine geringe, in den beiden anderen jedoch gar keine Steigerung herbeiführt, während die Verbindung des Stammes II_b mit I_a und mit IV_{he} eine ausgesprochene Heterosis in den drei berücksichtigten Vitalitätsleistungen bewirkt.

Tabelle 18.

Abweichungen der Mittelwerte der F_1 von den Mittelwerten des jeweils vitaleren Elternstammes in % des für diesen gültigen Wertes. Für die fettgesetzten Zahlen ist die Differenz der Mittelwerte größer als der dreifache mittlere Fehler.

	Prozentsatz der Eiraupen	Prozentsatz fruchtbarer Paarungen	Gelegegröße
Ia × IIb	+ **5,8**	+ **58,3**	+ **33,9**
Ia × IVhe	+ 4,0	+ 39,7	+ 16,5
IIb × IIIkfl	+ 4,4	− 8,1	+ 0
IIb × IVhe	+ **12,9**	+ **98,4**	+ **31,0**

C. Vitalitätsverhältnisse von einfach und doppelt rezessiven Nachzuchten aus F_2.

Um festzustellen, ob die sichtbaren die Stämme kennzeichnenden Faktoren überhaupt zu den geprüften Vitalitätserscheinungen in Beziehung stehen, wurde eine Reihe von F_2-Generationen hergestellt und aus diesen herausspaltende Individuen mit bestimmten rezessiven Genen als Nachzuchten gezogen und die Vitalitätsleistungen geprüft.

Die Prozentsätze fruchtbarer Paarungen (Tab. 19 vgl. Tab. 16) lagen bei den aus F_2 zurückgewonnenen **einfach Rezessiven** im ganzen niedriger als in F_1, statistisch sicher der von hehe aus der Kreuzung $II_b \times IV_{he}$. Andererseits

liegt der Prozentsatz von aa aus der Kreuzung $I_a \times II_b$ (83,55 ± 13,53) auch sicher über dem des Stammes I_a, welcher das Allel a in die Kreuzung geliefert hat (= 58,08 ± 8,68).

Tabelle 19.

Prozentsatz fruchtbarer Paarungen in Nachzuchten von einfach und doppelt Rezessiven aus F_2 der in Tabelle 9 und Tabelle 16 aufgeführten Stämme und Kreuzungen.

Genotypen	Zucht-temperatur	Anzahl der Paare	Prozentsatz fruchtbarer Paarungen ± 3 m
aa aus $I_a \times II_b$	18°	67	83,55±13,53
aa aus $I_a \times IV_{he}$	18°	26	80,77±23,31
bb aus $I_a \times II_b$	18°	13	76,99±34,23
bb aus $II_b \times IV_{he}$	18°	17	70,69±33,30
bb aus $II_b \times III_{kfl}$	25°	19	52,66±10,95
kflkfl aus $II_b \times III_{kfl}$	25°	15	66,69±11,52
hehe aus $I_a \times IV_{he}$	18°	27	48,14±28,83
hehe aus $II_b \times IV_{he}$	18°	42	47,62±23,17
aa bb	18°	80	75,02±14,76
	25°	38	63,16±23,40
	zusammen	118	71,20±12,48
aa hehe	18°	66	39,40±18,30
	25°	83	27,70±14,73
	zusammen	149	32,99±11,58
aa dfdf	18°	58	43,15±19,50
	25°	125	39,22±13,05
	zusammen	183	40,40±10,74
bb hehe	18°	62	25,81±16,95
	25°	88	26,15±14,01
	zusammen	150	26,07±10,74
bb kflkfl	25°	37	67,62±21,13
hehe dfdf	18°	60	30,02±17,76
	25°	51	29,42±19,20
	zusammen	111	29,71±13,02

Die Gelegegrößen (Tab. 20) zeigen ein deutliches Zurückfallen in den Nachzuchten der einfach Rezessiven gegenüber F_1 (vgl. Tab. 17) außer bei dem Genotypus kfl kfl, der mit kleinen Gelegen (215,0 ± 45,00) der F_1, in welche der Stamm III_{kfl} eingegangen war, und diesem selbst entspricht. Für aa aus $I_a \times II_b$ und bb aus $II_b \times IV_{he}$ und he he aus beiden Kreuzungen sind die Mittelwerte gegenüber den F_1-Zuchten, in welche diese Gene enthaltenden Stämme eintraten, hochgesichert. aa aus der Kreuzung $I_a \times II_b$ hat auch

Tabelle 20.

Gelegegröße in den Nachzuchten von einfach und doppelt Rezessiven aus F_2 der in Tabelle 10 und 17 aufgeführten Stämme und Kreuzungen.

Genotypen	Zucht-tempe-ratur	Anzahl der Eier im Gelege 50	100	150	200	250	300	350	n	M ± 3 m
aa aus $I_a \times II_b$	18°		1	11	27	13	4		56	182,10±15,30
aa aus $I_a \times IV_{he}$	18°			2	3	4	8	2	19	238,15±39,99
bb aus $I_a \times II_b$	18°			1	5	4			10	190,00±22,36
bb aus $II_b \times IV_{he}$	18°			1	4	6	1		12	204,15±33,33
bb aus $II_b \times III_{kfl}$	25°			1	4	3	2		10	205,00±35,17
kfl kfl aus $II_b \times III_{kfl}$	25°			1	3	3	3		10	215,00±45,00
he he aus $I_a \times IV_{he}$	18°			2	7	4			13	182,65±14,97
he he aus $II_b \times IV_{he}$	18°		2	11	8	1			20	140,00±23,82
	18°			2	18	4			24	179,16±15,03
aa bb	25°		2	7	30	21			60	183,33±14,42
	zus.		2	9	48	25			84	182,15±11,13
	18°		4	9	10	3			26	147,15±25,86
aa hehe	25°		4	8	9	2			23	145,45±27,18
	zus.		8	17	19	5			49	146,45±16,71
	18°			9	10	6			45	169,00±22,80
aa df ♀	25°		3	16	20	10			49	162,76±16,71
	zus.		3	25	30	16			74	164,88±14,13
	18°		10	4	2				16	100,00±18,74
bb hehe	25°	1	14	5	3				23	96,95±24,12
	zus.	1	24	9	5				39	98,10±18,00
bb kfl kfl	25°		1	2	7	12	3		25	203,00±28,20
	18°	3	5	6	4				18	105,55±35,31
hehe df	25°	2	5	5	2	1			15	108,35±43,80
	zus.	5	10	11	6	1			33	106,85±27,15

einen wesentlich tieferen Mittelwert als der Ausgangsstamm I_a (Tab. 10). Da gleichzeitig mit den Nachzuchten aus dieser Kreuzung laufende Kontrollzuchten des Stammes I_a auch niederere Gelegegrößen als frühere Generationen hatten (S. 27), kann dieser Wert von aa nicht beurteilt werden. Sonst überschneiden sich die ± 3 m-Spielräume der herausgezüchteten einfachen Rezessiven und der Ausgangsstämme mit den entsprechenden Genen. Es überschneiden sich aber

auch die Fehlerspielräume von aa, bb und kfl kfl. Die Unterschiede zwischen den einfach rezessiven sind geringer als die zwischen den Ausgangsstämmen. Die stärkste Senkung der Gelegegröße, absolut und relativ zum jeweiligen rezessiven Partnergen aus derselben in F_1 hat he he erfahren. Seine niederen Werte in den Nachzuchten aus beiden Kreuzungen sind statistisch gesichert gegenüber den höheren von kfl kfl, bb und aa aus $I_a \times IV_{he}$. Das entspricht dem niederen Stand von IV_{he} in der Reihe der Stämme (vgl. Tab. 10, 13, 14). Andererseits liegt der Gelegegrößenwert von he he aus $I_a \times IV_{he}$ auch statistisch gesichert über dem Wert des Ausgangsstammes. Offenbar sind mit dem Stamm I_a Gene eingeführt worden, durch welche die Legeleistung gehoben wurde. Jedenfalls haben die Gepaare He/he und die entsprechenden Partner A/a und B/b an der Legeleistung wesentlichen Anteil.

In dem Prozentsatz der Eier, die sich bis zu Raupen entwickeln (Tab. 21), sind aa aus $I_a \times II_b$, bb aus $I_a \times II_b$ und $II_b \times IV_{he}$ und he he aus beiden Kreuzungen gegenüber der F_1, in welche die Stämme mit den entsprechenden rezessiven Genen eingetreten waren, statistisch gesichert gesenkt. Andererseits liegen, verglichen mit den Ausgangsstämmen, die Mittelwerte von aa aus $I_a \times IV_{he}$, bb aus $II_b \times IV_{he}$, bb aus $II_b \times III_{kfl}$ und he he aus $I_a \times IV_{he}$ jeweils über den Mittelwerten der Ausgangsstämme mit den Genen a, b und he; und für die Gesamtprozentsätze ist die Differenz größer als 3 m. Es erscheint hiernach wahrscheinlich, daß die Höhe der Raupenschlüpfzahl nicht nur von den sichtbaren Genen, die aus F_2 herausgelesen wurden, abhängt.

Der Einfluß der rezessiven Gene mit sichtbaren Merkmalen, welche in den auf S. 27 bis S. 37 behandelten Stämmen enthalten sind, auf die Vitalität zeigt sich deutlich in Zuchten **doppelt Rezessiver,** welche aus F_2-Zuchten erhalten wurden. Außer aa bb, aa he he bb kfl kfl, deren F_1-Generationen behandelt wurden, sind auch die Kombinationen aa df ♀, aa df df ♂ und he he df ♀, he he df df ♂ hergestellt und auf ihre Vitalitätsleistungen geprüft worden (Tab. 19—23).

Die Aussichten auf erfolgreiche Paarung (Tab. 19) werden durch die Kombination von bb he he auf 26,00 ± 10,74 gegenüber bb He He (47,25 ± 7,68 und BB he he (42,75 ± 7,32) herabgesetzt. Auch die anderen Kombinationen haben mit Ausnahme von aa bb gegenüber beiden Stämmen mit einem rezessiven Gen oder gegenüber dem einen Stamm verloren, wenn auch die Spielräume der dreifachen mittleren Fehler sich mehr oder weniger übergreifen. Von den F_1-

Zuchten, aus denen die Gene stammen, sind die doppelt Rezessiven alle mit Ausnahme von aabb in dem Prozentsatz der erfolgreichen Paarungen hoch gesichert verschieden.

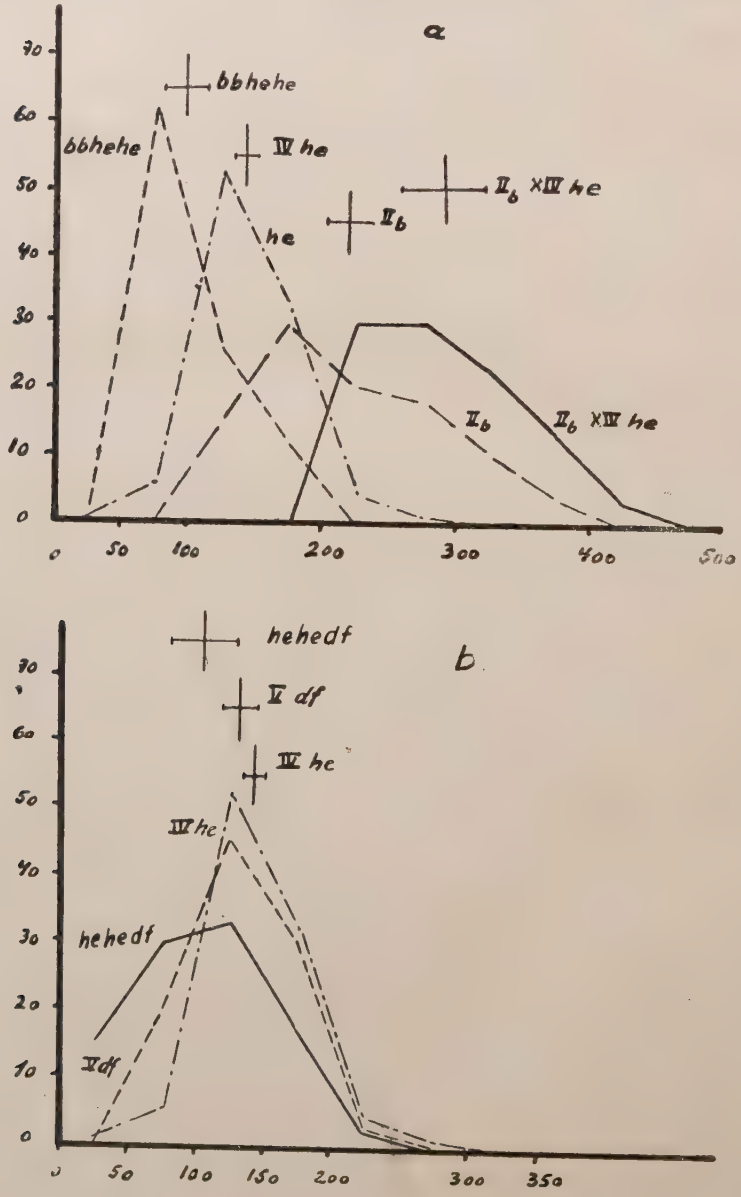
Tabelle 21.

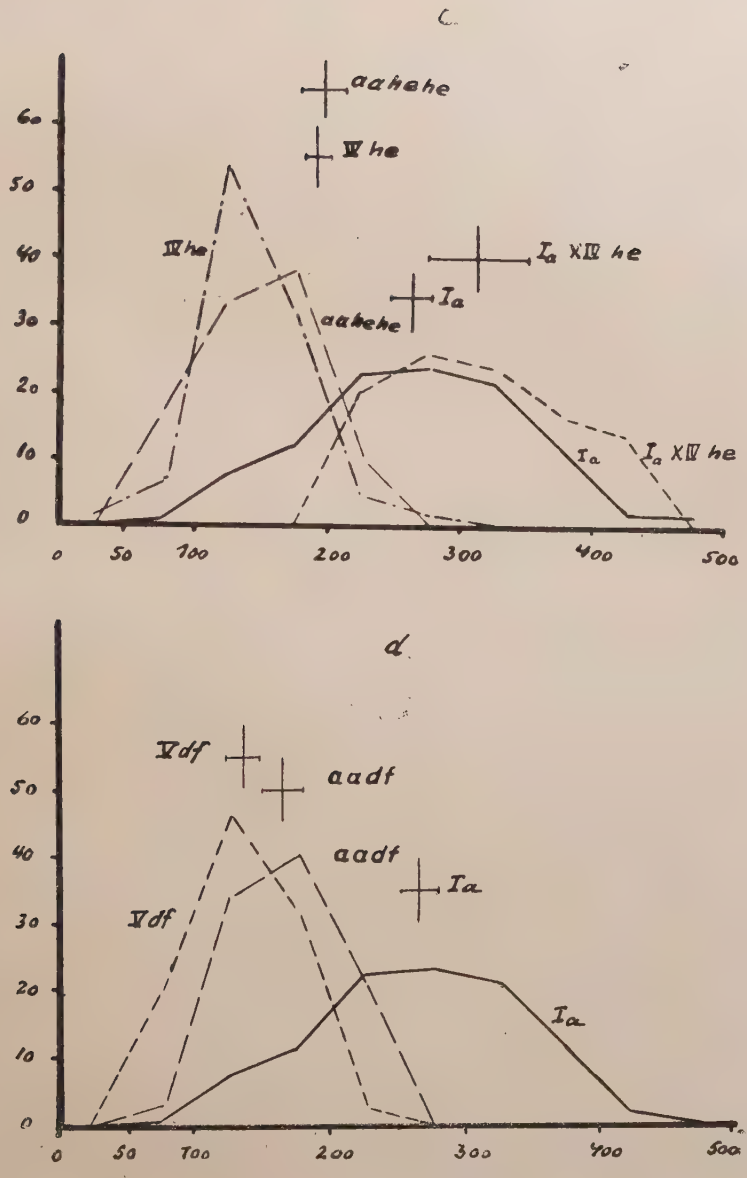
Prozentsatz der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier in Nachzuchten von einfach und doppelt Rezessiven aus F_2 in Tabelle 11 und 15 aufgeführten Stämmen und Kreuzungen.

Genotypen	Zucht-temp. Grad	% geschlüpfter Raupen 30	40	50	60	70	80	90	100	Anz. d. Zuchten	M ± 3 m	Ges.-Anz. der Eier	Geschl. Rp. ± 3 m
aa aus $I_a \times II_b$	18				4	12	24	9		49	82,74 ± 3,66	9 036	85,20 ± 1,11
aa aus $I_a \times IV_{he}$	18						1	3	15	19	92,37 ± 2,94	4 526	92,25 ± 1,17
bb aus $I_a \times II_b$	18					1	2	7		10	81,00 ± 4,65	1 988	83,25 ± 2,49
bb aus $II_b \times IV$	18							1	5	6	12	89,16 ± 4,23	2 348	85,75 ± 2,43
bb aus $II_b \times III_{kfl}$	25							1	6	3	10	87,00 ± 5,70	2 077	88,20 ± 2,10
kfl kfl aus $II_b \times III_{kfl}$	25								6	4	10	89,00 ± 4,65	2 146	87,31 ± 1,71
hehe aus $I_a \times IV_{he}$	18							3	4	6	13	87,30 ± 3,54	1 792	88,25 ± 2,26
hehe aus $II_b \times IV_{he}$	18							2	8	4	14	86,43 ± 2,76	1 850	85,75 ± 2,43
	18					1	8	23	17	49	86,43 ± 3,21	9 140	86,20 ± 1,08
aa bb	25				1		3	9	7	20	85,50 ± 6,51	3 621	85,30 ± 1,74
	zus.				1	1	11	32	24	69	86,15 ± 2,94	12 761	85,95 ± 0,90
	18						9	6	5	20	83,00 ± 5,37	2 930	82,95 ± 1,83
aa hehe	25	1				2	2	8	6	20	81,50 ± 10,59	3 079	81,25 ± 2,10
	zus.	1				2	12	14	11	40	82,25 ± 5,93	6 009	82,00 ± 1,47
	18						7	10		17	80,89 ± 3,57	2 931	80,90 ± 2,16
aa dfdf	25					3	8	15	4	30	81,67 ± 5,67	4 986	82,50 ± 1,59
	zus.					3	15	25	4	47	81,39 ± 3,15	7 917	81,90 ± 1,29
	18			2	1		8	2		13	70,37 ± 10,68	1 498	71,10 ± 3,51
bb hehe	25		2	1	3	3	3	3	2	17	67,35 ± 13,35	1 690	69,99 ± 3,33
	zus.		2	3	4	3	11	5	2	30	69,66 ± 8,61	3 188	70,50 ± 2,40
bb kfl kfl	25						2	14	4	20	86,00 ± 3,60	4 161	87,20 ± 1,53
	18					1	4	6		11	79,55 ± 5,91	1 553	79,50 ± 3,06
hehe dfdf	25						5	7		12	80,84 ± 4,23	1 509	80,00 ± 3,09
	zus.					1	9	13		23	80,20 ± 3,63	3 062	79,75 ± 2,16

Abb. 9.

Variationskurven der Gelegegrößen von Stämmen mit je einem rezessiven Gen, F_1 und Nachzuchten von doppelt Rezessiven. Ordinaten: % Zuchten, Abszisse: Anzahl der Eier an Gelege.

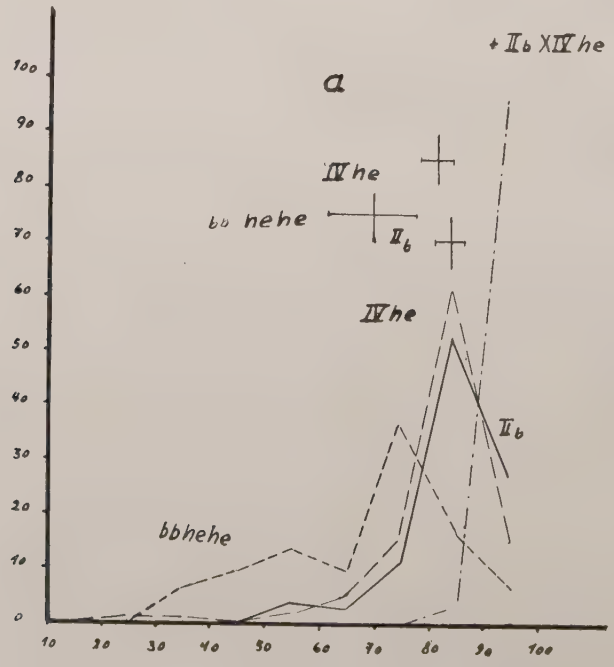




Sehr stark ist der Einfluß der Kombination bestimmter rezessiver Gene auf die Legeleistung. Sämtliche Gelegegrößen gehören nun zu der Gruppe der sehr kleinen Gelege. Bei drei Kombinationen stehen die doppelt Rezessiven

um erhebliche Prozentsätze hinter den beiden Stämmen mit je einem rezessiven Gen zurück (Tab. 20): aa bb, bb he he und he he df df. In den beiden ersten Fällen sind die Mittelwerte der doppelt Rezessiven gegenüber den Stämmen mit je einem rezessiven Gen und in entsprechend stärkerem Grade gegenüber F_1 hoch gesichert. Die Variationskurven verschieben sich auf der Abszisse nach links im Sinne einer Addition der die Eianzahl senkenden Wirkung von a+b bzw. von b+he (Abb. 9a). Die Gelegegrößenkurve der he he df ♀ (Abb. 9b) ist auf der Seite der niederen Eianzahlen breit erhoben, verläuft aber im selben Bereich wie die Kurven von IV_{he} und V_{df}; die Fehlerspielräume überschneiden sich dementsprechend. Bei den aa he he-Zuchten fällt die Kurve der Gelegegrößen weitgehend mit der des Stammes IV_{he} zusammen (9c). Die Kurve der doppelt Rezessiven aa df liegt zwischen der von V_{df} und I_a. Ihr Mittelwert mit 164,88 ± 14,13 ist gegen V_{df} (134,00 ± 11,64) wie gegen I_a (267,00 ± 17,55) gesichert. Ob dies auf einer günstigen Wirkung von a als A in der Kombination mit df beruht, oder, was

Abb. 10.
Variationskurven der Prozentsätze der bis zur Raupe sich entwickelnden Eier bei den Stämmen II_b und IV_{he}, bei der F_1 $II_b \times IV_{he}$ und Nachzuchten von bb he he aus F_2.
Ordinaten: % Zuchten, Abszisse: % geschlüpfte Eiraupen.



wahrscheinlicher ist, auf einer Zufuhr von die Legeleistung steigernden Genen aus I_a (vgl. S. 40) kann nicht entschieden werden. Die Kombination bb kfl kfl verändert die Gelegegröße der Ausgangsstämme ebensowenig wie der Ersatz der beiden Allele durch BB Kfl Kfl in der Kreuzung $II_b \times III_{kfl}$.

In der Raupenschlüpfzahl (Tab. 21, vgl. Tab. 11 und Abb. 10) hebt sich die Kombination bb he he, welche fahl hellbräunliche Tiere liefert, durch eine statistisch gesicherte Senkung des Mittelwertes gegenüber beiden Ausgangsstämmen heraus. Sie beträgt gegenüber II_b 15,55% gegenüber IV_{he} 14,50% des jeweils für den Ausgangsstamm gültigen Wertes.

Tabelle 22.

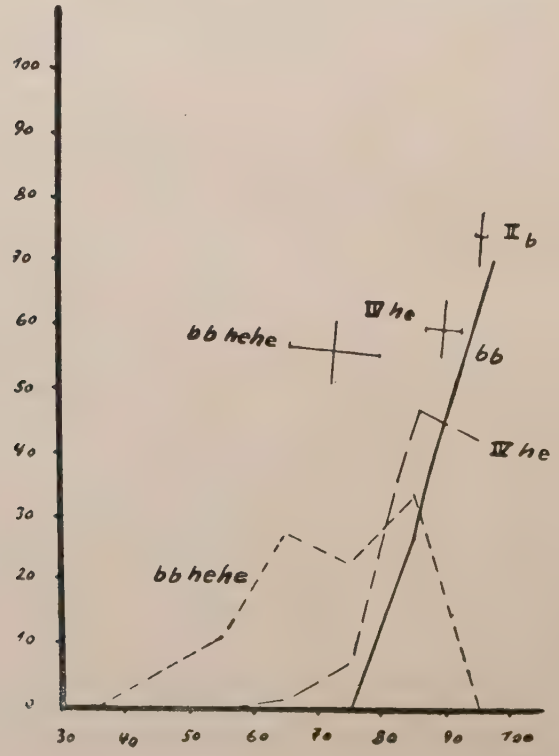
Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Eiraupen in Nachzuchten von einfach und doppelt Rezessiven aus F_2 der in Tab. 12 aufgeführten Stämme.

Genotypen	Zucht-temp. Grad	% geschlüpfter Falter 50	60	70	80	90	100	Anz. d. Zuchten	M ± 3 m	Ges.-Anz. der Raupen	% geschlüpft. Falter ± 3 m
aa aus I × II_b	18					3	13	16	93,13 ± 2,98	2209	92,35 ± 1,68
aa aus I_a × IV_{he}	18					6	4	10	93,00 ± 3,93	2320	93,00 ± 1,59
bb aus I_a × II_b	18					7	3	10	88,0 ± 3,23	1643	88,75 ± 2,31
bb aus II_b × IV_{he}	18						11	11	95,00 ± 0,00	1913	94,00 ± 1,59
bb aus II_b × III_{kfl}	25					2	8	10	93,00 ± 3,78	1829	90,50 ± 2,01
kfl kfl aus II_b × III_{kfl}	25				3	6	1	10	83,00 ± 3,23	1878	82,90 ± 2,61
hehe aus I_a × IV_{he}	18					6	4	10	89,00 ± 4,65	1302	89,00 ± 2,58
hehe aus II_b × IV_{he}	18				1	7	4	12	87,50 ± 3,75	1411	88,25 ± 2,55
	18			1	7	10	7	25	84,20 ± 5,04	3932	84,75 ± 1,74
aa bb	25					7	3	10	88,00 ± 4,35	1627	88,90 ± 2,34
	zus.			1	7	17	10	35	85,20 ± 3,90	5559	85,75 ± 1,38
	18			2	9	1		12	74,20 ± 4,20	1617	74,10 ± 3,21
aa hehe	25		2	3	2	6		13	74,30 ± 9,42	1804	75,00 ± 3,03
	zus.		2	5	11	7		25	74,21 ± 5,34	3421	74,59 ± 2,22
aa dfdf ♂	18		4	3	6	3		16	70,60 ± 7,86	2245	71,00 ± 2,85
aa df ♀	25		6	6	4	2	2	20	69,00 ± 8,58	2811	69,70 ± 2,58
	zus.		10	9	10	5	2	36	69,45 ± 5,94	5056	70,15 ± 1,92
	18		1	4	2	3		10	72,00 ± 9,55	957	71,75 ± 4,35
bb hehe	25	1	1	1	2	3		8	71,25 ± 15,00	817	71,25 ± 4,74
	zus	1	2	5	4	6		18	71,66 ± 6,79	1774	71,50 ± 3,21
bb kfl kfl	25			1	5	9	2	17	82,06 ± 5,34	3023	84,10 ± 1,98
hehe dfdf ♂	18			3	3	3	1	10	77,00 ± 9,30	1063	78,00 ± 3,84
he he df ♀	25				4	4		8	80,00 ± 5,31	945	79,00 ± 3,96
	zus.			3	7	7	1	18	78,34 ± 5,73	2008	87,50 ± 2,73

Sehr deutlich wirkt sich die Kombination von zwei rezessiven Genpaaren auch in dem Prozentsatz der zu Faltern sich entwickelnden Raupen aus(Tab.22). In allen Fällen war der Mittelwert der doppelt Rezessiven statistisch gesichert tiefer als der des einen Stammes mit nur einem rezessiven Gen. Bei der Vereinigung von b mit kfl und he mit df entsprach die Falterschlüpfzahl jeweils der des Ausgangsstammes mit dem tieferen Wert. Bei den vier anderen Neukombinationen war eine Senkung unter den Wert beider Stämme eingetreten, der bei aa, bb, aa he he (Abb. 11a) und bb he he (Abb. 11b) statistisch gesichert ist. Die stärkste Senkung auf 71,66% schlüpfender Falter, um 18,9% unter den Wert des weniger vitalen Ausgangsstammes bewirkt die Kombination bb he he, welche die fahl bräunlichen Phänotypen liefert.

Abb. 11.

Prozentsatz der bis zum Falter sich entwickelnden Eiraupen bei Ausgangsstämmen, F_1 und Nachzuchten von doppelt Rezessiven aus F_2. Ordinaten: % Zuchten, Abszisse: in einer Zucht geschlüpfte Falter in % der Eiraupen.



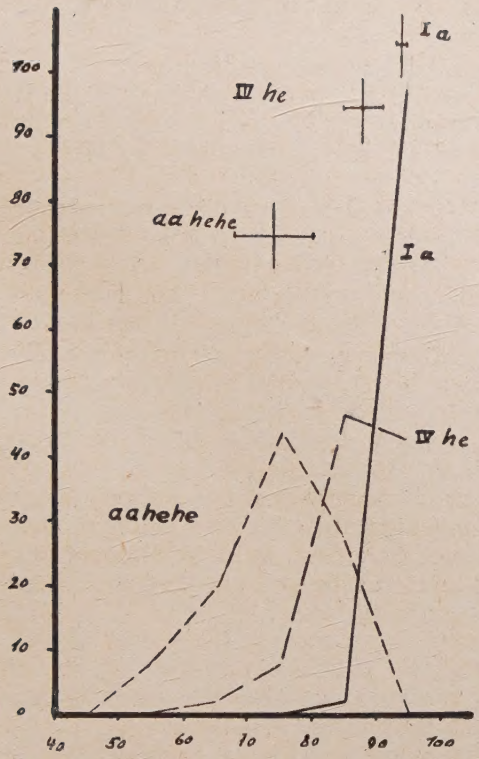


Tabelle 23.

Abweichung der Mittelwerte der Nachzuchten von doppelt Rezessiven aus F_2 von den Ausgangsstämmen, mit welchen die rezessiven Gene eingeführt wurden, in % der für diese Stämme gültigen Werte. Für die fettgesetzten Zahlen ist die Differenz der Mittelwerte größer als der dreifache mittlere Fehler.

Genotypen	Gelegegröße % Abweichungen von		Prozentsatz zu Faltern sich entwickelnd. Eiraup. % Abweich. von	
aa bb	Ia **−31,8**	IIb **- 17,8**	Ia **−9,8**	IIb **−7,6**
aa hehe	Ia **−45,3**	IVhe −1,7	Ia **−21,7**	IVhe **−15,7**
aa df, aadfdf	Ia **−38,2**	Vdf +23,1	Ia **−26,4**	Vdf −12,3
bb hehe	IIb **−55,5**	IVhe **−31,5**	IIb **- 22,6**	IVhe **−18,9**
bb kfl kfl	IIb −8,4	IIIkfl −7,7	IIb **−10,92**	IIIkfl +3,51
hehn df, hehe dfdf	IVhe **- 25,2**	Vdf - 20,1	IVhe **−11,1**	Vdf −1,5

Zusammenfassung.

Die rezessive autosomale Mutation kfl ist in ihrer Manifestation von der Temperatur abhängig. Sie wird nicht verwirklicht, wenn in der Zeit von 2 Tagen vor der Verpuppung bis 2 Tagen nach der Verpuppung die Tiere in 18° gehalten werden. In 25° tritt sie auf.

In 25° ist die Mutation vollkommen rezessiv. Bei kfl kfl sind die Flügel gegenüber Kfl Kfl im Mittel um 24,05% verkürzt und um 4,74% verschmälert. Die Flügel werden durch kfl kürzer und plumper gemacht. Die Verkürzung betrifft den distalen Teil des Flügels stärker als den proximalen.

In fünf Stämmen, welche phänotypisch durch die rezessiven Gene a, b, kfl, he und df gekennzeichnet sind, wurden Vitalitätsunterschiede in bezug auf den Prozentsatz erfolgreicher Paarungen, die Gelegegröße, den Prozentsatz der bis zu Raupen sich entwickelnden Eier und den Prozentsatz der bis zu Faltern sich entwickelnden Raupen festgestellt.

In F_1-Zuchten ergaben die Kombinationen der meisten Stämme eine Heterosis in dem Prozentsatz erfolgreicher Paarungen, der Gelegegröße und dem Prozentsatz bis zur Raupe sich entwickelnder Eier.

In Nachzuchten einfach Rezessiver aus F_2 sanken die durch Heterosis gehobenen Werte wieder ab, in einigen Fällen bis zu dem Betrag der Ausgangsstämme mit den entsprechenden rezessiven Genpaaren.

Bei den Neukombinationen je zweier rezessiver Genpaare waren häufig alle oder einzelne der untersuchenden Vitalitätsleistungen unter den Wert beider Ausgangsstämme, die nur das eine der rezessiven Gene enthalten, gesenkt.

Die geprüften, mit äußerlich sichtbaren Merkmalsänderungen verknüpften Mutationen haben auf die Vitalitätsleistungen einen z. T. sehr starken Einfluß, wenn sie auch nicht allein die Unterschiede zwischen den Stämmen und ihren F_1-Kombinationen bestimmen.

Schriftenverzeichnis.

v. Finck, E.: Genetische Untersuchungen über die Schuppengröße und Schuppenform bei der Mehlmotte Ephestia Kühniella Z. — Z. Induk. Abst. 74, 1938.

Henke, K.: Untersuchungen zur Entwicklungsphysiologie und Genetik der Flügelform bei der Mehlmotte. — Biol. Centralblatt 57, 1937.

Geissel: Entwicklungsdauer, Flügelgröße und die Vitalität der Ingezüchteten Mehlmottenstämme und ihrer Kreuzungen. — Z. Induk. Abst. 71, 1936.
Köhler, W.: Die Entwicklung der Flügel bei der Mehlmotte Ephestia Kühniella Z. mit besonderer Berücksichtigung des Zeichnungsmusters. — Zeitschr. f. Morphol. u. Ökol. d. Tiere 24, 1932.
Kühn, A., u. Henke, K.: Genetische und entwicklungsphysiologische Untersuchungen an der Mehlmotte. I—VII. Abh. Ges. Wiss. Göttingen. Math. phys. Kl. 15. 1929.
Kühn, A., u. Henke, K.: Genetische usw. Untersuchungen an der Mehlmotte. VIII.—XII. ebenda. 15, 1932.
Kühn, A., u. Henke, K.: Über einen Fall von geschlechtsgekoppelter Vererbung mit wechselnder Merkmalsausprägung bei der Mehlmotte Ephestia Kühniella Zeller. — Nachr. d. Ges. D. Wiss. zu Göttingen 1935.
Kühn, A., u. Henke, K.: Eine Mutation der Augenfarbe und der Entwicklungsgeschwindigkeit bei der Mehlmotte Ephestia Kühniella Z. — Roux'Arch. 122, 1930.
Kühn, A.: Genetisch und Entwicklungsphysiologische Untersuchungen an Ephestia Kühniella Z. — Induk. Abst. 57, 1934.
Schwartz, V.: Über einen geschlechtsgebundenen Letalfaktor bei Ephestia Kühniella Z. — Biol. Centralb. 57, 1937.
Strohl J. u. Köhler, W.: Über die Wirkung eines pleiotropen Gens auf Färbung, Lebensdauer u. Fortpflanzungsfähigkeit d. Imago bei der Mehlmotte Ephestia Kühniella Z. — Nachr. d. Ges. d. Wiss. zu Göttingen, Biol. 2, 1935.

Ich bin am 29. 8. 1915 in Çal (Denizli, Türkei) als Sohn des Richters Bay Riza Sengün geboren. In Izmir habe ich von 1922 bis 1927 die Volksschule, von 1927 bis 1930 die Mittelschule, von 1930 bis 1933 die Oberrealschule besucht und mein Abitur gemacht. Auf Grund dieses Reifezeugnisses nahm ich an einer speziellen Prüfung teil und wurde durch die türkische Regierung nach Deutschland geschickt, um hier Naturwissenschaft zu studieren. In Züllichau erlernte ich die deutsche Sprache auf einem Gymnasium von 1. 1. 1934 bis 1. 9. 1934. Vom 1. 9. 1934 bis 31. März 1937 besuchte ich die Universität zu Göttingen, dann war ich immatrikuliert vom 31. März 1937 bis jetzt in der Universität zu Berlin, wo ich meine Doktorarbeit unter der freundschaftlichen Förderung des Herrn Professors Dr. A. Kühn angefertigt hatte, wofür ich ihm meinen besten Dank ausspreche.